

XÂY DỰNG CÔNG THỨC GIẢI BÀI TOÁN HOÁN VỊ 3 CẶP GEN

Nguyễn Từ-nguyentusgd@gmail.com; 0914252216

I. ĐẶT VẤN ĐỀ:

Trong chương trình bồi dưỡng học sinh giỏi phân di truyền liên kết, hoán vị 3 gen, khi lập bản đồ gen nhiều học sinh lúng túng không nắm được công thức tổng quát nên gặp không ít khó khăn. Tài liệu tham khảo thiếu, thậm chí các tác giả nêu những quan điểm khác nhau, nhất là khi có 2 chéo đơn và 1 chéo kép.

Theo giáo trình "Di truyền học" tập 2 của GS, TS Phan Cự Nhân (chủ biên), PGS, TS Nguyễn Minh Công, PGS, TS Đặng Hữu Lan, NXB Giáo dục, năm 1999, trang 68, 69 **khoảng cách trên bản đồ gen của 2 gen $AB = \text{tần số trao đổi chéo đơn } A/B + \frac{1}{2} \text{ tần số trao đổi chéo kép.}$**

Nhưng theo TS Ngô Văn Hưng (chủ biên) và TS Vũ Đức Lưu, TS Chu Văn Mẫn, TS Phạm Văn Lập trong tài liệu "Hướng dẫn thực hiện chương trình, sách giáo khoa lớp 12 môn Sinh học", NXB Giáo dục, năm 2008, trang 66, 67; TS Vũ Đức Lưu trong tài liệu "Sinh vật 12 chuyên sâu" tập 1, NXB Đại học Quốc gia Hà Nội, năm 2009, trang 141; Hoàng Trọng Phán trong giáo trình "Di Truyền học", NXB Đà Nẵng, năm 2006, trang 154 thì khác, **khoảng cách trên bản đồ gen của 2 gen $AB = \text{tần số trao đổi chéo đơn } A/B + \text{tần số trao đổi chéo kép.}$**

Từ đó có những công thức tính khác nhau về **tần số hoán vị kép lý thuyết và hệ số trùng hợp.**

Hai nhóm tác giả trên là những đầu ngành của môn Di truyền học ở Việt Nam, có ảnh hưởng rất lớn đến việc dạy, học, thi cử của thầy và trò. Vì vậy, dựa vào hai nhóm tác giả trên, nhiều bài tập ở các sách tham khảo của nhiều tác giả khác có công thức tính toán rất khác nhau, mâu thuẫn với nhau, làm cho giáo viên và học sinh lúng túng, không biết chọn cách nào.

Xuất phát từ vấn đề trên, tôi đề xuất **cách giải và xây dựng công thức chung để giải bài toán hoán vị 3 gen cùng nằm trên một nhiễm sắc thể, có 2 chéo đơn và 1 chéo kép**, nhằm quát giúp cho giáo viên và học sinh nắm chắc phương pháp giải bài toán thuận, nghịch hoán vị 3 gen.

II. NỘI DUNG NGHIÊN CỨU:

A. KHÁI NIỆM VÀ CÁC CHỈ SỐ NGHIÊN CỨU:

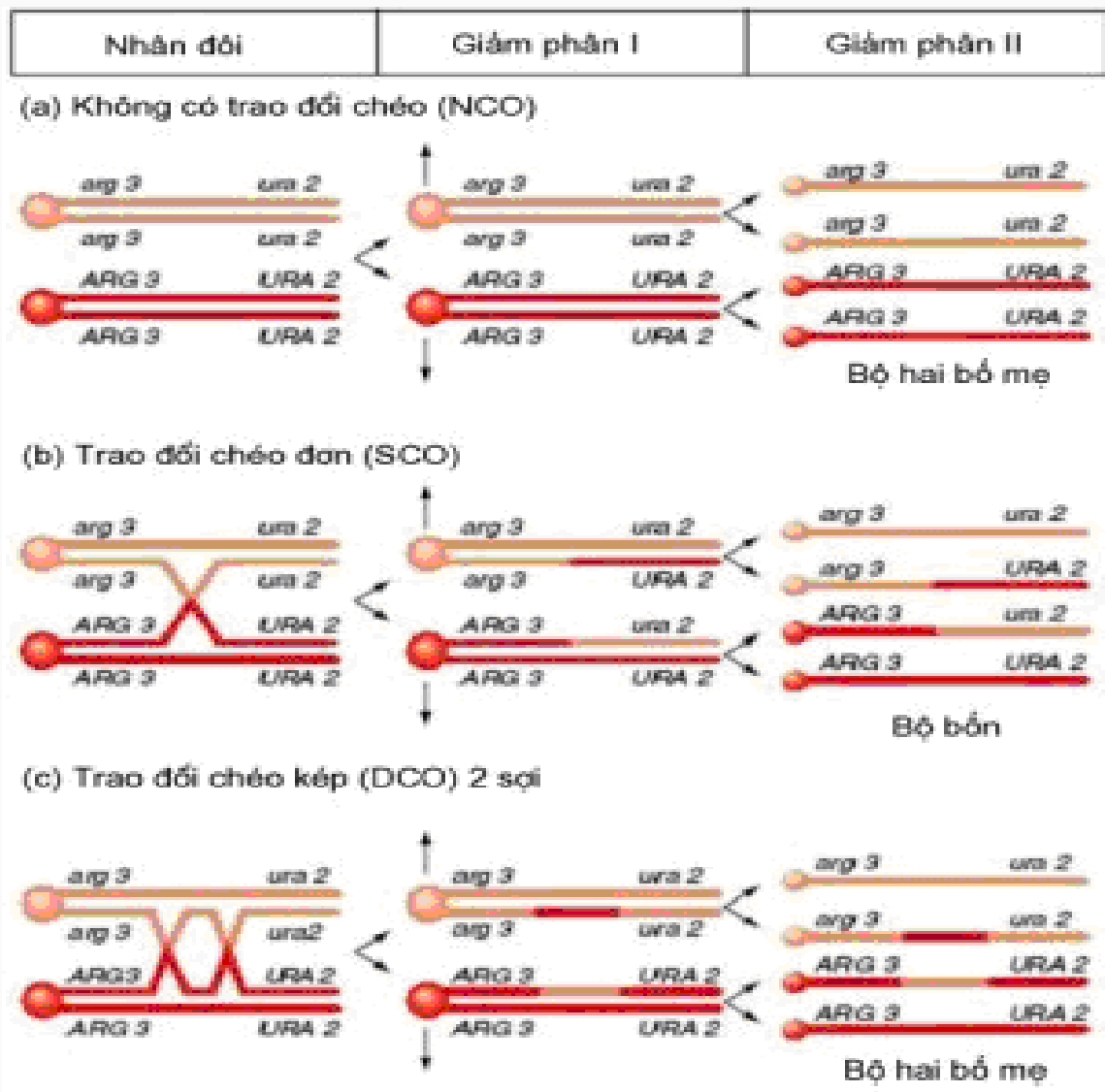
1. Hiện tượng trao đổi chéo đơn, trao đổi chéo kép diễn ra trong giảm phân:

Với các hình minh họa dưới đây ta thấy có trường hợp xảy ra 2 chéo đơn nhưng không có chéo kép; cũng có lúc vừa có 2 chéo đơn lại có thêm 1 chéo kép. Ở đây, trong phạm vi nghiên cứu, ta chỉ xét trao đổi chéo kép giữa 2 crômatit không chị em trong cùng một cặp nhiễm sắc thể (NST) đồng dạng ở kỳ trước giảm phân I.

Thường thì sự trao đổi chéo ở một chỗ làm giảm xác suất trao đổi chéo thứ hai gần kề nó. Đó là hiện tượng nhiễu (I). Để đánh giá kết quả người ta dùng hệ số trùng hợp (C).

Hệ số trùng hợp $C = (\text{Tần số TĐC kép thực tế}) / (\% \text{ TĐC kép theo lý thuyết})$

Hệ số trùng hợp $C + \text{Hệ số nhiễu } I = 1 \Leftrightarrow C + I = 1; 0 \leq C \leq 1$



Mục đích của đề tài này là xây dựng công thức tìm các chỉ số để giải bài toán thuận, nghịch của hoán vị 3 cặp gen mà nhiều giáo viên và học sinh thắc mắc. Tôi xin đưa ra các khái niệm, khi xét về 3 cặp gen liên kết, hoán vị.

1. Tần số trao đổi chéo đơn giữa 2 gen liền kề (f_s)
2. Tần số trao đổi chéo kép quan sát được - thực tế (f_{Od})
3. Tần số trao đổi chéo kép lý thuyết (f_{Ed})
4. Tần số trao đổi chéo giữa 2 gen liền kề (f_a)
5. Khoảng cách giữa 2 gen liền kề trên bản đồ gen (D_a)
6. Khoảng cách giữa 2 gen đầu mút trên bản đồ gen (D_e)
7. Hệ số phù hợp (C)

Vía dụ, có 3 gen A, B, D nằm trên cùng một NST theo trật tự sau.

A-----B-----D
a-----b-----d

C : coefficient of coincidence = Hệ số phù hợp

O : observed = Thực tế, quan sát được.

E : expected = Kỳ vọng, lý thuyết.

s : single permutations = Hoán vị đơn.

d : double crossover = Hoán vị kép.

D_a : The distance between two adjacent genes = Khoảng cách giữa 2 gen liền kề

D_e : The distance between two gene ends = Khoảng cách giữa 2 gen đầu mút

B. SỰ KHÔNG THỐNG NHẤT TRONG CÁC TÀI LIỆU KHI XÂY DỰNG CÁC CÔNG THỨC VỀ HOÁN VỊ 3 GEN:

1. Cách thứ nhất: Của các tác giả GS, TS Phan Cự Nhân, PGS, TS Nguyễn Minh Công, PGS, TS Đặng Hữu Lanh.

Theo giáo trình “Di truyền học” tập 2, NXB Giáo dục, năm 1999 của GS,TS Phan Cự Nhân (chủ biên) và các tác giả PGS, TS Nguyễn Minh Công, PGS,TS Đặng Hữu Lanh (trang 67), ở cây ngô:

- Mầm màu xanh nhạt do gen V quy định > mầm màu lục do gen v quy định;
- Hạt vàng do gen G quy định > hạt trắng do gen g quy định;
- Lá phẳng do gen S quy định > lá có gờ dọc do gen s quy định.

Khi lai phân tích cây F_1 có kiểu hình mang 3 tính trạng trội V-G-S- cho đời Fa như sau:

Hợp tử	Lớp	Thể	Số lượng (cây)	Tổng theo lớp	Tỉ lệ %
$\frac{VGS}{vgs}$	1	Bình thường (V-G-S-)	250	505	69,56%
$\frac{vgs}{vgs}$	1	Bình thường (vvggss)	255		
$\frac{Vgs}{vgs}$	2	Thể do chéo đơn V/G (V-ggss)	62	122	16,80%
$\frac{vGS}{vgs}$	2	Thể do chéo đơn V/G (vvG-S-)	60		
$\frac{VGs}{vgs}$	3	Thể do chéo đơn G/S (V-G-ss)	40	88	12,12%
$\frac{vgS}{vgs}$	3	Thể do chéo đơn G/S (vvggS-)	48		
$\frac{VgS}{vgs}$	4	Thể do chéo kép V/S (V-ggS-)	7	11	1,51%
$\frac{vGs}{vgs}$	4	Thể do chéo kép V/S (vvG-ss)	4		
Tổng			726	726	100%

Từ số liệu trên, các tác giả đi đến kết luận:

- Dạng chéo 1 chỗ V/G chiếm: $(60+62)/726 = 16,80\%$
- Dạng chéo 1 chỗ G/S chiếm: $(40+48)/726 = 12,12\%$
- Dạng chéo 2 chỗ V/S chiếm: $(7+4)/726 = 1,52\%$
- Khoảng cách giữa V- G là: $16,80\% + \frac{1,52\%}{2} = 17,56\%$
- Khoảng cách giữa G - S là: $12,12\% + \frac{1,52\%}{2} = 12,88\%$
- Khoảng cách giữa V- S là: $17,56\% + 12,88\% = 30,44\%$
- Bản đồ gen: $\underline{\text{a} \quad 17,56 \quad \text{b} \quad 12,88 \quad \text{d}}$
- Tần số trao đổi chéo kép lý thuyết = $16,80\% \times 12,12\% = 2,04\%$
- Hệ số phù hợp $C = 1,51\%/2,04\% = 74,01\%$

Nhận xét: Theo cách tính toán ở trên, ta có:

*** Tần số trao đổi chéo đơn giữa 2 gen liên kề (f_s)**

$f_s = \text{Số cá thể do chéo đơn quan sát được} / \text{Tổng số cá thể Fa}$

*** Tần số trao đổi chéo kép quan sát được - thực tế (f_{Od})**

f_{Od} = Số cá thể do chéo kép thực tế / Tổng số cá thể Fa

*** Tần số trao đổi chéo giữa 2 gen liền kề (f_a)**

f_a = Tần số trao đổi chéo đơn + 1/2 Tần số trao đổi chéo kép thực tế

$$f_a = f_s + \frac{f_{Od}}{2}$$

*** Tần số trao đổi chéo kép lý thuyết - kỳ vọng (f_{Ed})**

f_{Ed} = Tích của tần số 2 chéo đơn quan sát được

f_{Ed} = Tần số chéo đơn thứ 1 x Tần số chéo đơn thứ 2 = $f_{s1} \times f_{s2}$

f_{Ed} = (Số cá thể chéo đơn 1 / Σ cá thể Fa) x (Số cá thể chéo đơn 2 / Σ cá thể Fa)

$$f_{Ed} = f_{s1} \times f_{s2}$$

*** Khoảng cách giữa 2 gen liền kề trên bản đồ gen (D_a)**

$$D_a = \text{Tần số trao đổi chéo giữa 2 gen liền kề} = f_a = f_{Os} + \frac{f_{Od}}{2}$$

*** Khoảng cách giữa 2 gen đầu mút trên bản đồ gen (D_e)**

D_e = (Số cá thể do chéo đơn 1 + Số cá thể do chéo đơn 2 + Số cá thể do chéo kép thực tế) / Tổng số cá thể Fa

D_e = (% chéo đơn 1) + (% chéo đơn 2) + (% chéo kép thực tế)

$$D_e = f_{s1} + f_{s2} + f_{Od}$$

*** Hệ số trùng hợp (C)**

C = Tần số trao đổi chéo kép thực tế / Tần số trao đổi chéo kép lý thuyết

$$C = \frac{f_{Od}}{f_{Ed}} = \frac{f_{Od}}{f_{s1} \times f_{s2}}$$

2. Cách thứ hai: Của các tác giả Ngô Văn Hưng, Vũ Đức Lưu, Chu Văn Mẫn, Phạm Văn Lập.

Trong tài liệu "Hướng dẫn thực hiện chương trình, sách giáo khoa lớp 12 môn Sinh học" của Ngô Văn Hưng (chủ biên), Vũ Đức Lưu, Chu Văn Mẫn, Phạm Văn Lập, NXB Giáo dục, năm 2008, trang 66, 67; trong tài liệu "Sinh vật 12 chuyên sâu" tập 1, của Vũ Đức Lưu, NXB Đại học Quốc gia Hà Nội, năm 2009, trang 142, các tác giả đã đưa ra ví dụ ở ngô với số liệu thực tế như các tác giả nhóm 1, nhưng quy ước kiểu gen bằng mẫu tự khác.

Gen A: mầm xanh > gen a: mầm vàng,

B: mầm mờ > b: mầm bóng;

D: lá bình thường > d: lá cửa.

Khi lai phân tích cây ngô dị hợp về 3 cặp gen thì được kết quả lai F_a

Giao tử của P		Kiểu gen của F _a	Số cá thể	Tổng	% số cá thể
Không trao đổi chéo	<u>ABD</u>	$\frac{ABD}{abd}$	235	505	69,56%
	<u>abd</u>	$\frac{abd}{abd}$	270		
Trao đổi chéo đơn ở đoạn I	<u>Abd</u>	$\frac{Abd}{abd}$	62	122	16,80%
	<u>aBD</u>	$\frac{aBD}{abd}$	60		
Trao đổi chéo đơn ở đoạn II	<u>ABd</u>	$\frac{ABd}{abd}$	40	88	12,12%
	<u>abD</u>	$\frac{abD}{abd}$	48		
Trao đổi chéo kép ở đoạn I và II	<u>AbD</u>	$\frac{AbD}{abd}$	7	11	1,51%
	<u>aBd</u>	$\frac{aBd}{abd}$	4		
Tổng			726	726	100%

Từ số liệu trên, các tác giả đi đến kết luận:

- Số cá thể nhận được do trao đổi chéo giữa gen a và b chiếm: $16,80 + 1,52 = 18,32\%$
- Tần số trao đổi chéo giữa gen b và d chiếm: $12,12 + 1,52 = 13,64\%$
- Tần số trao đổi chéo giữa gen a và d chiếm: $16,80 + 12,12 + (2 \times 1,52) = 31,96\%$
- Tần số trao đổi chéo kép lý thuyết là: $18,32\% \times 13,64\% = 2,50\%$
- Tần số trao đổi chéo kép thực tế là: 1,52%. Thấp hơn tính toán lý thuyết 1%.
- Bản đồ gen: a 18,32 b 13,64 d

Như vậy có hiện tượng nhiễu, nghĩa là TĐC diễn ra tại 1 điểm trên NST ngăn cản TĐC ở những điểm lân cận.

- Hệ số trùng hợp $C = O/E = \frac{1,52\%}{2,50\%} = 60,8\%$

Nhận xét: Theo cách tính toán ở trên, ta có:

*** Tần số trao đổi chéo đơn giữa 2 gen liên kề (f_s): Như cách 1**

f_s = Số cá thể do chéo đơn quan sát được / Tổng số cá thể Fa

*** Tần số trao đổi chéo kép quan sát được-thực tế (f_{Od}): Như cách 1**

f_{Od} = Số cá thể do chéo kép thực tế / Tổng số cá thể Fa

*** Tần số trao đổi chéo giữa 2 gen liền kề (f_a): Khác cách 1**

f_a = Tần số trao đổi chéo đơn + Tần số trao đổi chéo kép thực tế

$$f_a = f_s + f_{Od}$$

*** Tần số trao đổi chéo kép lý thuyết - kỳ vọng (f_{Ed}): Khác cách 1**

$f_{Ed} = [(Số\ cá\ thể\ chéo\ đơn\ 1 + Số\ cá\ thể\ chéo\ kép) / \Sigma\ cá\ thể\ Fa] \times [(Số\ cá\ thể\ chéo\ đơn\ 2 + Số\ cá\ thể\ chéo\ kép) / \Sigma\ cá\ thể\ Fa]$

$$f_{Ed} = f_{a1} \times f_{a2} = (f_{s1} + f_{Od}) \times (f_{s2} + f_{Od})$$

*** Khoảng cách giữa 2 gen liền kề trên bản đồ gen (D_a):**

D_a = Tần số trao đổi chéo giữa 2 gen liền kề

$$D_a = f_a = f_s + f_{Od}$$

*** Khoảng cách giữa 2 gen đầu mút trên bản đồ gen (D_e)**

$D_e = [(Số\ cá\ thể\ do\ chéo\ đơn\ 1) + (Số\ cá\ thể\ do\ chéo\ đơn\ 2) + (2\ lần\ số\ cá\ thể\ do\ chéo\ kép\ thực\ tế)] / Tổng\ số\ cá\ thể\ Fa$

$$D_e = (\% \text{ chéo đơn 1}) + (\% \text{ chéo đơn 2}) + (2 \times \% \text{ chéo kép thực tế})$$

$$D_e = f_{s1} + f_{s2} + 2.f_{Od}$$

*** Hệ số trùng hợp (C)**

C = Tần số trao đổi chéo kép thực tế / Tần số trao đổi chéo kép lý thuyết

$$C = \frac{f_{Od}}{f_{Ed}} = \frac{f_{Od}}{(f_{s1} + f_{Od})(f_{s2} + f_{Od})}$$

3. Phân tích, so sánh kết quả của 2 nhóm tác giả:

Cùng một số liệu thu được như nhau nhưng 2 nhóm tác giả đã đi đến kết luận hoàn toàn khác nhau, do cách xây dựng công thức khác nhau, có thể tóm tắt như sau.

Tiêu chí	Nhóm 1	Nhóm 2
Tần số trao đổi chéo kép lý thuyết (f_{Ed})	$16,80\% \times 12,12\% = 2,04\%$	$18,32\% \times 13,64\% = 2,50\%$
Tần số trao đổi chéo kép thực tế (f_{Od})	$(7+4)/726 = 1,52\%$	$(7+4)/726 = 1,52\%$

Tiêu chí	Nhóm 1	Nhóm 2
Khoảng cách các gen trên bản đồ gen.	- Khoảng cách giữa V và G là: $16,80\% + \frac{1,52\%}{2} = \mathbf{17,56\%}$	- Khoảng cách giữa A và B là: $16,80 + 1,52 = \mathbf{18,32\%}$
	- Khoảng cách giữa G và S là: $12,12\% + \frac{1,52\%}{2} = \mathbf{12,88\%}$	- Khoảng cách giữa B và D: $12,12 + 1,52 = \mathbf{13,64\%}$
	- Khoảng cách giữa V và S là: $17,56\% + 12,88\% = \mathbf{30,44}$	- Khoảng cách giữa A và D: $16,80 + 12,12 + (2 \times 1,52) = \mathbf{31,96\%}$
Hệ số phù hợp C	$C = 1,52\%/2,04\% = \mathbf{74,51}$	$C = 1,52\%/2,50\% = \mathbf{61,08\%}$

Từ phân tích các số liệu trên ta thấy quan điểm của hai nhóm tác giả trên có những cái giống và khác nhau cơ bản.

a. Giống nhau:

Tiêu chí	Nhận xét
Trật tự sắp xếp gen	như nhau $\frac{VGS}{vgs}$ hoặc $\frac{ABD}{abd}$
Tần số trao đổi chéo kép thực tế (f_{Od})	f_{Od} = Số cá thể có kiểu hình chiếm tỷ lệ nhỏ nhất / Tổng số cá thể Fa (1,52%)

b. Khác nhau.

Tiêu chí	Nhóm 1	Nhóm 2
Tần số trao đổi chéo kép lý thuyết (f_{Ed})	Tích số giữa 2 tần số trao đổi chéo đơn. $f_{Ed} = f_{s1} \cdot f_{s2}$ Vì vậy bao giờ cũng nhận giá trị bé hơn cách tính thứ hai.	Tích số giữa khoảng cách của 2 gen một trên bản đồ gen = Tích số giữa 2 tần số trao đổi chéo. $f_{Ed} = f_{a1} \times f_{a2} = (f_{s1} + f_{Od}) (f_{s2} + f_{Od}) = f_{s1} \cdot f_{s2} + f_{s1} \cdot f_{Od} + f_{s2} \cdot f_{Od} + (f_{Od})^2$
Khoảng cách giữa 2 gen liền kề trên bản đồ gen (D_a)	Khoảng cách giữa 2 gen liền kề trên bản đồ gen bằng tần số trao đổi chéo đơn + 1/2 tần số trao đổi chéo kép thực tế $D_a = f_a = f_{Os} + \frac{f_{Od}}{2}$	Khoảng cách giữa 2 gen liền kề trên bản đồ gen bằng tần số trao đổi chéo đơn + tần số trao đổi chéo kép thực tế. $D_a = f_a = f_s + f_{Od}$
Khoảng	Khoảng cách giữa 2 gen đầu	Khoảng cách giữa 2 gen đầu mút

Tiêu chí	Nhóm 1	Nhóm 2
cách giữa 2 gen đầu mút trên bản đồ gen (D_e)	<p>mút = Tần số trao đổi chéo đơn thứ nhất + Tần số trao đổi chéo đơn thứ hai + Tần số trao đổi chéo kép thực tế</p> <p>$D_e = f_{s1} + f_{s2} + f_{Od}$</p>	<p>= Tần số trao đổi chéo đơn thứ nhất + Tần số trao đổi chéo đơn thứ hai + (2 x Tần số trao đổi chéo kép thực tế)</p> <p>$D_e = f_{s1} + f_{s2} + 2.f_{Od}$</p> <p>Vì vậy khoảng cách trên bản đồ gen dài hơn.</p>
Hệ số phù hợp C	Mặc dù cùng công thức $C = f_{Od}/f_{Ed}$, nhưng giá trị lớn hơn, vì do cách tính f_{Ed} khác nhau	Mặc dù cùng công thức $C = f_{Od}/f_{Ed}$, nhưng giá trị nhỏ hơn, vì do cách tính f_{Ed} khác nhau

4. Đi tìm lời giải đúng và xây dựng công thức tổng quát.

Với trách nhiệm và trăn trở của người dạy môn Di truyền học, tôi đã sưu tra lại các tài liệu của nhiều tác giả như sau:

a. Theo N. P Đubinin trong "Di truyền học đại cương", NXB "MIR" Maxcova năm 1970. Morgan trong thí nghiệm sử dụng lại ba gene liên kết trên nhiễm sắc thể X của ruồi giấm. Y: thân xám > y: thân vàng; S: lông thẳng cứng > s: lông cứng mềm; M: cánh bé > m: cánh bẻ. (Những alen trội thường được ký hiệu bằng dấu + hoặc chữ in hoa)

Sau khi thu được các con cái F_1 dị hợp tử về ba cặp gen, Morgan cho chúng lai trở lại với con đực dòng kiểm tra mang 3 gen lặn. Kết quả phân tích cho thấy các con cái F_1 cho tám loại giao tử (tức tám kiểu hình ở đời con Fa của nó), hai trong số đó là các kiểu giao tử bố mẹ và sáu kiểu còn lại là các giao tử tái tổ hợp.

$$P: \text{♀ } +++ / +++ \times \text{♂ } ysm / Y = X^{YSM} X^{YSM} \times X^{ysm} Y$$

$$F_1: 1 \text{♀ } +++ / ysm : 1 \text{♂ } +++ / Y = 1 X^{YWM} X^{ywm} : 1 X^{YWM} Y$$

Lai phân tích con ♀ F_1 :

$$(\text{♀ } F_1) +++ / ysm \times \text{♂ } ysm / Y (\text{♂ } \text{dòng kiểm tra}) = X^{YWM} X^{ywm} \times X^{ywm} Y$$

Fa:

Kiểu hình	Giao tử	Số lượng	Tổng số	Tần số

Kiểu hình	Giao tử	Số lượng	Tổng số	Tần số
Kiểu bố mẹ (không bắt chéo)	+++	7.330	14.670	66,39%
	y s m	7.334		
Kiểu tái tổ hợp đơn m với s (bắt chéo 1 lần trên đoạn m-s)	++m	1.318	2.678	12,12%
	y s +	1.360		
Kiểu tái tổ hợp đơn y với s (bắt chéo 1 lần trên đoạn y-s)	y ++	1.994	4.066	18,40%
	+ s m	2.072		
Kiểu tái tổ hợp kép s với y và m (bắt chéo 2 lần)	+ s +	332	682	3,09%
	y + m	350		
Tổng		22.096	22.096	100%

Tác giả đã đi đến tính toán, kết luận:

- Khoảng cách hai gen y và s = $(1.994 + 2.072 + 332 + 350)/22.096 = 21,49\%$. ;
- Khoảng cách hai gen s và m = $(1.318 + 1.360 + 332 + 350)/22.096 = 15,21\%$.
- Khi đó, khoảng cách y và m là $21,49\% + 15,21\% = 36,70\%$

Nhận xét: Cách tính toán hoàn toàn giống cách 2.

b. Theo F.B.Hutt

Trong tài liệu "Di truyền học động vật" của F.B.Hutt, do Phan Cự Nhân dịch, NXB Khoa học và Kỹ thuật, Hà Nội, 1978, trang 195, 196, tác giả dẫn chứng thí nghiệm của W. E. Castle qua 60 năm trên thỏ để xác định hiện tượng liên kết giữa 3 gen như sau:

Lai phân tích thỏ F1 mang 3 tính trạng

C: Có màu đều trên cơ thể > c^h : Có màu Himalaia

B: Đen > b: Hung

Y: Màu mỡ trắng > y: Màu mỡ vàng

Các fenotip	Các giao tử ứng với fenotip hình thành từ bố mẹ lai 3 tính	Số lượng	Tổng số
màu himalaia, đen, mỡ trắng	c^hBY	276	551
màu đều, hung, mỡ vàng	Cby	275	
màu himalaia, hung, mỡ trắng	c^hbY	125	233
màu đều, đen, mỡ vàng	CBy	108	

Các fenotip	Các giao tử ứng với fenotip hình thành từ bố mẹ lai 3 tính	Số lượng	Tổng số
màu himalaia, hung, mỡ vàng	c ^h by	46	101
màu đều, đen, mỡ trắng	CBY	55	
màu himalaia, đen, mỡ vàng	c ^h By	7	23
màu đều, hung, mỡ trắng	CbY	16	
			908

Từ số liệu trên tác giả đi đến kết luận:

- Kiểu gen của cá thể đem lai phân tích là $\frac{Cyb}{cYB}$ (**gen Y, y nằm giữa**)
- Tần số bất chéo giữa C và y = $(101 + 23)/908 = 13,65\%$
- Tần số bất chéo giữa y và b = $(233 + 23)/908 = 28,19\%$
- Khoảng cách 2 gen đầu mút trên bản đồ gen là: $D_e = 13,65\% + 28,19\% = 41,8\%$
- Tần số trao đổi chéo kép lý thuyết $f_{Ed} = 13,65\% \times 28,19\% = 3,85\%$
- Tần số trao đổi chéo kép thực tế $f_{Od} = 23/908 = 2,53\%$
- Hệ số trùng hợp $C = 2,53\%/3,85\% = 65,7\%$

Nhận xét: Cách tính toán hoàn toàn giống cách 2.

c. Theo Hoàng Trọng Phán, Trương Thị Bích Phượng, Trần Quốc Dung

Trong tài liệu "Giáo trình Di truyền học", của Hoàng Trọng Phán, Trương Thị Bích Phượng, Trần Quốc Dung, NXB Đại học Huế, năm 2008 đã đưa ra thí nghiệm kinh điển của Morgan. Trong thí nghiệm sử dụng lại ba gene liên kết -X ở ruồi giấm (y, w và m), sau khi thu được các con cái F₁ dị hợp tử về ba cặp gen, Morgan cho chúng lai trở lại với con đực dòng kiểm tra. Kết quả phân tích cho thấy các con cái F₁ cho tám loại giao tử (tức tám kiểu hình ở đời con của nó), hai trong số đó là các kiểu giao tử bố mẹ và sáu kiểu còn lại là các giao tử tái tổ hợp.

Theo sự trình bày ở trên, ta có thể tiến hành phân loại và tính tần số của mỗi kiểu giao tử dựa vào số lượng các kiểu hình thống kê được rồi vẽ bản đồ cho ba gene này, theo các bước chung nhất như sau:

$$P: \text{♀ } +++/+++ \times \text{♂ } ywm/Y = X^{ywm} X^{ywm} \times X^{ywm} Y$$

$$F_1: 1 \text{ ♀ } +++/ywm : 1 \text{ ♂ } +++/Y = X^{ywm} X^{ywm} : X^{ywm} Y$$

$$\begin{array}{c} + + + / y w m \times \text{♂ } ywm / Y \\ (\text{♀ } F_1) \quad (\text{♂ dòng kiểm tra}) \end{array} = X^{ywm} X^{ywm} \times X^{ywm} Y$$

Fa:

	Giao tử	Số lượng	Tổng	Tần số
Kiểu bố mẹ (không tái tổ hợp)	+ + +	3.501	6.972	0,66400
	y w m	3.471		
Kiểu tái tổ hợp đơn m với w	+ + m	1.754	3454	0,32900
	y w +	1.700		
Kiểu tái tổ hợp đơn y với w	y + +	28	60	0,00570
	+ w m	32		
Kiểu tái tổ hợp kép w với y và m	+ w +	6	9	0,00086
	y + m	3		
Tổng		10.495	1 0.495	1

Kết quả cụ thể:

- Khoảng cách y và w = $(28 + 32 + 6 + 3) / 10.495 = 0,0066$.
- Tương tự, khoảng cách hai gene w và m = $(1.754 + 1.700 + 6 + 3) / 10.495 = 0,330$ - -
- Khoảng cách bản đồ giữa y và m = $0,0066 + 0,330 = 0,3366$.
- Tần số hoán vị kép thực tế: $(6 + 3) / 10.495 = 0,00086$
- Tần số hoán vị kép lý thuyết = $0,0066 \times 0,330 = 0,00218$
- Hệ số phù hợp C = $0,00086 / 0,00218 = 0,3945$

Nhận xét: Cách tính toán hoàn toàn giống cách 2.

d. Theo các tác giả Neil A. Campbell, Jane B. Reece, Lisa A. Urry, Michael L. Cain, Steven A. Wasserman, Peter V. Minorsky, và Robert B. Jackson trong cuốn "Sinh học", dịch theo sách xuất bản lần thứ tám (tái bản lần thứ nhất), NXB Giáo dục Việt Nam, năm 2012, trang 296, **các tác giả thống nhất với cách tính của nhóm tác giả thứ hai.**

e. Theo tôi, cách tính đúng phải theo cách thứ hai.

Vì tần số trao đổi chéo giữa 2 gen liên kề phải bằng tần số trao đổi chéo đơn giữ 2 gen liên kề cộng với tần số trao đổi chéo kép.

Ví dụ, nếu kiểu gen $\frac{ABD}{abd}$ và có trao đổi chéo kép xảy ra thì tần số trao đổi chéo giữa 2 gen A và B sẽ bằng tần số trao đổi chéo đơn giữa A và B cộng với tần số trao đổi chéo kép giữa B với A và B với D đồng thời xảy ra.

Do đó:

- Khoảng cách giữa 2 gen liền kề trên bản đồ gen sẽ bằng tần số trao đổi chéo đơn cộng với tần số trao đổi chéo kép thực tế.
- Khoảng cách giữa 2 gen đầu mút trên bản đồ gen sẽ bằng tần số trao đổi chéo đơn thứ nhất cộng với tần số trao đổi chéo đơn thứ hai và cộng với 2 lần tần số trao đổi chéo kép thực tế.
- Tần số trao đổi chéo kép lý thuyết phải bằng tích số khoảng cách giữa 2 gen gen liền kề AB và BD trên bản đồ gen, nghĩa là bằng tích số tần số trao đổi chéo giữa 2 gen liền kề AB và BD chứ **không phải bằng tích số 2 tần số trao đổi chéo đơn**.

C. XÂY DỰNG CÔNG THỨC TỔNG QUÁT:

Từ những phân tích nói trên, chúng tôi đề nghị thống nhất cách tính thứ hai.

Ví dụ, xét phép lai phân tích một cá thể mang 3 cặp gen dị hợp Aa, Bb, Dd

P: A-B-D- x aabbdd

Đời Fa nhận 8 nhóm kiểu hình:

Kiểu hình của Fa	Số cá thể	Tổng	% số cá thể
A-B-D-	n_1	$N = n_1 + n_2$	$n = N/T$
aabbdd	n_2		
A-bbdd	x_1	$X = x_1 + x_2$	$x = X/T$
aaB-D-	x_2		
A-B-dd	y_1	$Y = y_1 + y_2$	$y = Y/T$
aabbD-	y_2		
A-bbD-	z_1	$Z = z_1 + z_2$	$z = Z/T$
aaB-dd	z_2		

Trong mỗi tương quan 4 giá trị N, X, Y, Z hay n, x, y, z ta có 12 khả năng ứng với 12 kiểu sắp xếp gen khác nhau.

$$\frac{ABD}{abd}, \frac{ADB}{adb}, \frac{BAD}{bad}, \frac{AbD}{aBd}, \frac{ADb}{aDb}, \frac{bAD}{BaD}, \frac{ABd}{abD}, \frac{AdB}{aDb}, \frac{BaD}{baD}, \frac{aBD}{Abd}, \frac{aDB}{Adb}, \frac{BaD}{bAd}$$

- Nếu N lớn nhất trong 4 đại lượng thì các gen A, B, D nằm trên cùng 1 NST; các gen a, b, d nằm trên cùng 1 NST tương đồng. Có 3 kiểu sắp xếp gen khác nhau.

+ Nếu $N > X, Y > Z$ thì kiểu sắp xếp gen là $\frac{ABD}{abd}$

+ Nếu $N > X, Z > Y$ thì kiểu sắp xếp gen là $\frac{ADB}{adb}$

+ Nếu $N > Y, Z > X$ thì kiểu sắp xếp gen là $\frac{BAD}{bad}$

- Nếu X lớn nhất trong 4 đại lượng thì các gen a, B, D nằm trên cùng 1 NST; các alen A, b, d nằm trên cùng 1 NST tương đồng. Có 3 kiểu sắp xếp gen khác nhau:

$$\frac{aBD}{Abd}, \frac{aDB}{Adb}, \frac{BaD}{bAd}$$

- Nếu Y lớn nhất trong 4 đại lượng thì các gen A, B, d nằm trên cùng 1 NST; các alen a, b, D nằm trên cùng 1 NST tương đồng. Có 3 kiểu sắp xếp gen khác nhau:

$$\frac{ABd}{abD}, \frac{AdB}{aDb}, \frac{BaD}{baD}$$

- Nếu Z lớn nhất trong 4 đại lượng thì các gen A, b, D nằm trên cùng 1 NST; các alen a, B, d nằm trên cùng 1 NST tương đồng. Có 3 kiểu sắp xếp gen khác nhau:

$$\frac{AbD}{aBd}, \frac{ADb}{aDb}, \frac{bAD}{BaD}$$

Căn cứ vào giá trị nào bé nhất ta sẽ tìm được trật tự sắp xếp gen tương ứng.

Giả sử ta có $N > X, Y > Z$ thì kiểu sắp xếp gen là $\frac{ABD}{abd}$, kết quả phép lai phân tích

3 cặp gen dị hợp thu được Fa:

Giao tử của P		Kiểu gen của Fa	Kiểu hình Fa	Số cá thể	Tổng	Tần số
Không trao đổi chéo	<u>ABD</u>	$\frac{ABD}{abd}$	A-B-D-	n ₁	$N = n_1 + n_2$	$n = N/T$
	<u>Abd</u>	$\frac{abd}{abd}$	aabbdd	n ₂		
Trao đổi chéo đơn ở đoạn I, Aa và Bb	<u>Abd</u>	$\frac{Abd}{abd}$	A-bbdd	x ₁	$X = x_1 + x_2$	$x = X/T$
	<u>aBD</u>	$\frac{aBD}{abd}$	aaB-D-	x ₂		

Trao đổi chéo đơn ở đoạn II, Bb và Dd	<u>ABd</u>	$\frac{ABd}{abd}$	A-B-dd	y ₁	Y = y ₁ +y ₂	y = Y/T
	<u>abD</u>	$\frac{abD}{abd}$	aabbD-	y ₂		
Trao đổi chéo kép ở đoạn I và II, Aa và Dd	<u>AbD</u>	$\frac{AbD}{abd}$	A-bbD-	z ₁	Z = z ₁ +z ₂	z = Z/T
	<u>aBd</u>	$\frac{aBd}{abd}$	aaB-dd	z ₂		
Tổng				T	T	100%

Ghi chú:

- $x_1 \approx x_2$; $y_1 \approx y_2$; $z_1 \approx z_2$; $n_1 \approx n_2$ = Số cá thể của 8 loại kiểu hình Fa
- $N > X$, $Y > Z$ = Số cá thể của 4 nhóm kiểu hình Fa
- $T = x_1 + x_2 + y_1 + y_2 + z_1 + z_2 + n_1 + n_2$.
- x, y, z, n tính theo bách phân (%) hay thập phân; $x + y + z + n = 100\% = 1$
- Vì Hệ số phù hợp $C \leq 1$, nên ta luôn có $XY \geq NZ$ hay $xy \geq nz$

Ta có các công thức sau:

1. Tần số trao đổi chéo đơn giữa 2 gen liên kề (f_s).

f_s = Số cá thể do chéo đơn / Tổng số cá thể Fa

VD: - f_s giữa A và B = $X/T = x$

- f_s giữa B và D = $Y/T = y$

2. Tần số trao đổi chéo kép thực tế (f_{Od})

f_{Od} = Số cá thể do chéo kép thực tế quan sát được / Tổng số cá thể Fa

VD: f_{Od} giữa A và D = $Z/T = z$

3. Tần số trao đổi chéo kép lý thuyết (f_{Ed})

f_{Ed} = Tích số khoảng cách của 2 gen liên kề AB và BD trên bản đồ gen

f_{Ed} = Tích số tần số trao đổi chéo đơn giữa 2 gen liên kề AB và BD

VD: $f_{Ed} = f_s(A/B) \times f_s(B/D)$
 $= [(X+Z)/T] \times [(Y+Z)/T] = (x+z)(y+z) = xy + xz + yz + z^2$

4. Tần số trao đổi chéo giữa 2 gen liên kề (f_a)

f_a = Khoảng cách của 2 gen liên kề trên bản đồ gen

f_a = Tần số trao đổi chéo đơn + Tần số trao đổi chéo kép thực tế.

$f_{Es} = \frac{\text{Số cá thể do chéo đơn} + \text{Số cá thể do trao đổi chéo kép thực tế}}{\text{Tổng số cá thể Fa}}$

Tổng số cá thể Fa

$f_a = f_{Os} + f_{Od}$

VD: - f_a giữa A và B = $(X+Z)/T = x + z$

- f_a giữa B và D = $(Y+Z)/T = y + z$

5. Khoảng cách giữa 2 gen liền kề trên bản đồ gen (D_a)

D_a = Tần số trao đổi chéo giữa 2 gen liền kề

D_a = (Tần số trao đổi chéo đơn + Tần số trao đổi chéo kép thực tế)

D_a = (Số cá thể do đổi chéo đơn + Số cá thể do đổi chéo kép thực tế) / Tổng số cá thể Fa

$$D_a = f_a = f_s + f_{Od}$$

VD:

- Khoảng cách AB = $(X + Z)/T = x + z$

- Khoảng cách BD = $(Y + Z)/T = y + z$

6. Khoảng cách giữa 2 gen đầu mút trên bản đồ gen (D_e)

D_e = (Số cá thể do TĐC đơn 1 + Số cá thể do TĐC đơn 2 + 2 lần số cá thể do TĐC kép) / Tổng số cá thể Fa

$$D_e = D_{a1} + D_{a2} = f_{a1} + f_{a2} = f_{s1} + f_{s2} + 2.f_{Od}$$

VD: Khoảng cách AD = $(X + Y + 2Z)/T = x + y + 2z$

7. Hệ số phù hợp (C)

C = Tần số hoán vị kép thực tế / Tần số hoán vị kép lý thuyết

$$C = f_{Od}/f_{Ed}$$

VD: $C = z/(x+z)(y+z) = z/(xy+xz+yz+z^2)$

III. KẾT LUẬN VÀ ĐỀ NGHỊ

1. Trật tự của các gen trên 1 NST:

Nếu 3 gen ABD cùng nằm trên 1 NST thì kiểu sắp xếp gen có $3!/2 = 3$ khả năng:

ABD, ADB, BAD

2. Kiểu sắp xếp gen của 1 cá thể mang 3 cặp gen dị hợp liên kết.

Xét 1 cá thể mang 3 cặp gen dị hợp Aa, Bb, Dd có $(3-1)^2 \times (3!/2) = 12$ kiểu gen, trong đó:

+ Nhóm 3 gen trội không elen (hoặc 3 gen lặn không elen) nằm trên 1

NST = $C_3^3 \times 3!/2 = 3$ kiểu gen: $\frac{ABD}{abd}$, $\frac{ADB}{adb}$, $\frac{BAD}{bad}$;

+ Nhóm 2 gen trội không elen hoặc 2 gen lặn không elen nằm trên 1 NST = $C_3^2 \times$

$3!/2 = 9$ kiểu gen: $\frac{ABd}{abD}, \frac{AdB}{aDb}, \frac{BA d}{baD}, \frac{AbD}{aBd}, \frac{ADb}{adB}, \frac{bAD}{Bad}, \frac{aBD}{Abd}, \frac{aDB}{Adb}, \frac{BaD}{bAd}$

3. Công thức ghi nhớ khi giải bài toán hoán vị 3 gen có hoán vị kép:

a. Tần số trao đổi chéo đơn giữa 2 gen liền kề (f_s).

$$f_s = \text{Số cá thể do chéo đơn} / \text{Tổng số cá thể Fa}$$

b. Tần số trao đổi chéo kép thực tế (f_{Od})

$$f_{Od} = \text{Số cá thể do chéo kép thực tế quan sát được} / \text{Tổng số cá thể Fa}$$

c. Tần số trao đổi chéo kép lý thuyết (f_{Ed})

$$f_{Ed} = \text{Tích số khoảng cách của 2 gen liền kề AB và BD trên bản đồ gen}$$

$$f_{Ed} = \text{Tích số tần số trao đổi chéo đơn giữa 2 gen liền kề AB và BD}$$

d. Tần số trao đổi chéo giữa 2 gen liền kề (f_a)

$$f_a = \text{Khoảng cách của 2 gen liền kề trên bản đồ gen}$$

$$f_a = \text{Tần số trao đổi chéo đơn} + \text{Tần số trao đổi chéo kép thực tế.}$$

$$f_a = \frac{(\text{Số cá thể do chéo đơn} + \text{Số cá thể do trao đổi chéo kép thực tế})}{\text{Tổng số cá thể Fa}}$$

$$f_a = f_{Os} + f_{Od}$$

e. Khoảng cách giữa 2 gen liền kề trên bản đồ gen (D_a)

$$D_a = \text{Tần số trao đổi chéo giữa 2 gen liền kề}$$

$$D_a = (\text{Tần số trao đổi chéo đơn} + \text{Tần số trao đổi chéo kép thực tế})$$

$$D_a = (\text{Số cá thể TĐC đơn} + \text{Số cá thể TĐC kép thực tế}) / \text{Tổng số cá thể Fa}$$

$$D_a = f_a = f_s + f_{Od}$$

f. Khoảng cách giữa 2 gen đầu mút trên bản đồ gen (D_e)

$$D_e = (\text{Số cá thể do TĐC đơn 1} + \text{Số cá thể do TĐC đơn 2} + 2 \text{ lần số cá thể do TĐC kép}) / \text{Tổng số cá thể Fa}$$

$$D_e = D_{a1} + D_{a2} = f_{a1} + f_{a2} = f_{s1} + f_{s2} + 2f_{Od}$$

g. Hệ số phù hợp (C)

$$C = \text{Tần số hoán vị kép thực tế} / \text{Tần số hoán vị kép lý thuyết}$$

$$C = f_{Od}/f_{Ed}$$

IV. CÁC BÀI TẬP THAM KHẢO.

Bài 1: Cho gen A: đỏ, a: vàng; B: tròn, b: dẹt; D: ngọt, d: chua.

F_1 dị hợp về cả 3 cặp gen có kiểu hình là cây hoa đỏ, quả tròn và ngọt A-B-D-. Dem cây F_1 lai phân tích đời con F_a thu được kết quả như sau:

Kiểu hình Fa	Số cây	Tổng	
cây hoa đỏ, quả dẹt và ngọt	426	850	72,28%
cây hoa vàng, quả tròn và chua	424		
cây hoa vàng, quả dẹt và ngọt;	104	212	18,03%
cây hoa đỏ, tròn và chua	108		
cây hoa đỏ, quả dẹt và chua	53	87	8,67%
cây hoa vàng, quả tròn và ngọt	49		
cây hoa đỏ, quả tròn và ngọt	7	12	1,02%
cây hoa vàng, quả dẹt và chua	5		
Tổng	1176	1176	100%

Xác định khoảng cách giữa các gen trên nhiễm sắc thể?

Bước 1: Dựa vào 2 lớp KH lớn nhất (Lớp KH ko do TĐC)

VD: Từ 2 lớp KH:

426 cây hoa đỏ, quả dẹt và ngọt A-bbD- ;

424 cây hoa vàng, quả tròn và chua aaB-dd

=> A, b, D phải nằm trên cùng 1 NST; a, B, d phải nằm trên cùng 1 NST tương ứng.

Kiểu gen sẽ 1 trong 3 khả năng: $\frac{AbD}{aBd}$; $\frac{bAD}{Bad}$; $\frac{bDA}{Bda}$

Bước 2: Từ 2 lớp KH nhỏ nhất (do TĐC kép) => gen nào nằm giữa

15 cây hoa đỏ, quả tròn và ngọt A-B-D-

12 cây hoa vàng, quả dẹt và chua aabbdd

Vì hoán vị kép nên cho giao tử mang 3 alen: A, B, D. Suy ra B phải nằm giữa

=> KG F1: $\frac{AbD}{aBd}$

Bước 3: Tính tần số trao đổi chéo đơn (thủ thuật dựa vào 2 lớp KH thấp tiếp theo)

VD: Ta có kiểu gen của 2 kiểu hình do trao đổi chéo đơn tại 1 điểm có tỉ lệ bằng nhau:

- cây hoa vàng, quả dẹt và ngọt : $\frac{abD}{abd}$ → giao tử F₁: abD

- cây hoa đỏ, tròn và chua: $\frac{ABd}{abd}$ → giao tử F₁: ABd

Nhận thấy: a tái tổ hợp với bD; A tái tổ hợp với Bd → điểm trao đổi chéo làm hoán vị A và a

$$\rightarrow \text{Tần số trao đổi chéo: } f = \frac{104 + 108 + 5 + 7}{426 + 424 + 104 + 108 + 46 + 41 + 15 + 12} = 19,05\%$$

→ Khoảng cách giữa A-b là 19,05 cM

Ta có kiểu gen của 2 kiểu hình do trao đổi chéo đơn tại 1 điểm có tỉ lệ bằng nhau:

- cây hoa đỏ, quả dẹt và chua: $\frac{Abd}{abd} \rightarrow$ giao tử F_1 : Abd

- cây hoa vàng, quả tròn và ngọt: $\frac{aBD}{abd} \rightarrow$ giao tử F_1 : aBD

Nhận thấy: d tái tổ hợp với Ab; D tái tổ hợp với aB → điểm trao đổi chéo làm hoán vị D và d

$$\rightarrow \text{Tần số trao đổi chéo: } f = \frac{46 + 41 + 5 + 7}{426 + 424 + 104 + 108 + 46 + 41 + 15 + 12} = 8,42\%$$

→ Khoảng cách giữa b-D là 8,42 cM

Vậy khoảng cách giữa các gen trên nhiễm sắc thể là:

$$\begin{array}{ccccccc} A & & 19,05 & & b & & 8,42 & & D \\ \hline \end{array}$$

Bước 4: Tính hệ số trùng hợp

$$+ f \text{ trao đổi chéo thực tế} = \frac{\sum \text{kieuhinhhtilenho}}{\sum \text{cathecuadoiconFa}}$$

$$+ f \text{ trao đổi chéo lý thuyết} = f \text{ đơn A/a} \times f \text{ đơn D/d}$$

$$+ \text{Hệ số trùng lặp } C = \frac{f(\text{thucte})}{f(\text{lythuyet})}$$

$$+ f \text{ trao đổi chéo thực tế} = \frac{5+7}{1176} = 1,02\%$$

$$+ f \text{ trao đổi chéo lý thuyết} = f \text{ đơn A/a} \times f \text{ đơn D/d} = 19,05\% \times 8,42\% = 1,60\%$$

$$+ \text{Hệ số trùng hợp } C = \frac{f(\text{thucte})}{f(\text{lythuyet})} = 1,02\% / 1,60\% = 0,64$$

$$+ \text{Độ nhiễu } I = 1 - C = 1 - 0,64 = 0,36$$

Bài 2 . Bài toán ngược: Biết trình tự gen → Tỷ lệ các loại giao tử hoặc KH của Fb

Cho P = $\frac{ABD}{abd}$, khoảng cách A và B = 30 cM, B và D 20 cM. Cho biết hệ số trùng

hợp là 0,7. Tính tỉ lệ các loại giao tử tạo thành?

HD:

Tần số trao đổi chéo kép lý thuyết là $0,3 \times 0,2 = 0,06$

$$\text{Hệ số trùng hợp} = \frac{\text{Tan so trao doi chéo kép thực tế}}{\text{Tan so trao doi chéo kép lý thuyết}} = 0,7$$

Suy ra tần số trao đổi chéo kép thực tế $= 0,7 \times 0,06 = 0,042$.

\Rightarrow tỉ lệ giao tử trao đổi chéo kép thực tế $\underline{AbD} = \underline{aBd} = 0,042/2 = 0,021$

Tần số trao đổi chéo đơn giữa A và B là:

$$0,3 - 0,042 = 0,258$$

\Rightarrow tỉ lệ giao tử $\underline{aBD} = \underline{Abd} = 0,258/2 = 0,129$

Tần số trao đổi chéo đơn giữa B và C là

$$0,2 - 0,042 = 0,158$$

\Rightarrow tỉ lệ giao tử $\underline{ABd} = \underline{abD} = 0,158/2 = 0,079$

\Rightarrow tỉ lệ giao tử liên kết hoàn toàn $\underline{ABD} = \underline{abd} = (1 - 0,042 - 0,258 - 0,158)/2 = 0,271$

Đáp số: $\frac{ABD}{abd}$ cho tỉ lệ giao tử:

$$\underline{AbD} = \underline{aBd} = 0,021$$

$$\underline{aBD} = \underline{Abd} = 0,129$$

$$\underline{ABd} = \underline{abD} = 0,079$$

$$\underline{ABD} = \underline{abd} = 0,271$$

Bài 3. Xét 4 gen liên kết trên một nhiễm sắc thể, mỗi gen qui định 1 tính trạng. Cho một cá thể dị hợp tử 4 cặp gen (Aa,Bb,Cc,Dd) lai phân tích với cơ thể đồng hợp tử lặn, F_a thu được 1000 các thể gồm 8 phân lớp kiểu hình như sau:

Kiểu hình	Số lượng	Tổng lớp	%
aaB-C-D-	42	85	8,5%
A-bbccdd	43		
A-B-C-dd	140	285	28,5%
aabbccD-	145		
aaB-ccD-	6	15	15%
A-bbC-dd	9		
A-B-ccdd	305	615	61,5%
aabbC-D-	310		
	1000		

Xác định trật tự và khoảng cách giữa các gen.

HD:

Trật tự phân bố và khoảng cách giữa các gen:

* Trật tự phân bố giữa các gen:

- Nhận thấy cặp gen lặn a luôn đi liền với gen trội D trên cùng 1 NST; còn gen trội A luôn đi liền với gen lặn d trên cùng 1 NST → suy ra 2 gen này liên kết hoàn toàn với nhau.

- Kết quả phép lai thu được 8 phân lớp kiểu hình với tỉ lệ không bằng nhau, chứng tỏ đã xảy ra trao đổi chéo đơn tại 2 điểm không đồng thời và trao đổi chéo kép trong quá trình tạo giao tử ở cơ thể A-B-C-D-.

- 2 phân lớp kiểu hình chiếm tỉ lệ thấp nhất là kết quả của TĐC kép. Suy ra trật tự phân bố của các gen của 2 phân lớp này là B-aaD-cc và bbA-ddCc-

- Hai phân lớp kiểu hình có số lượng cá thể lớn nhất mang gen liên kết → Giả sử kiểu gen của cơ thể mang lai phân tích là $\frac{BAdc}{baDC}$ hoặc $\frac{BdAc}{bDaC}$ vì Ad/aD liên kết hoàn toàn.

* Khoảng cách giữa các gen :

- Tần số HVG vùng $\frac{B}{A} = f_{\text{(đơn)}} \frac{B}{A} + f_{\text{(kép)}} = \frac{42+43+9+6}{1000} = 10\%$

- Tần số HVG vùng $\frac{d}{c} = f_{\text{(đơn)}} \frac{d}{c} + f_{\text{(kép)}} = \frac{140+145+9+6}{1000} = 30\%$

- Tần số HV kép lý thuyết = $0,1 \times 0,3 = 0,03$

- Hệ số trùng hợp C = $\frac{\text{Tần số trao đổi chéo kép thực tế}}{\text{Tần số trao đổi chéo kép lý thuyết}} = 0,015/0,030 = 50\%$

- Hai phân lớp kiểu hình mang gen liên kết chiếm tỉ lệ:

$$\frac{305+310}{1000} = \frac{615}{1000} \approx 61,5\%.$$

Bài 4. Trong một cá thể giả định, con cái thân bè, lông trắng, thẳng được lai với con đực thân mảnh, lông đen, quần tạo ra F₁ thân mảnh, lông trắng, thẳng. Cho con cái F₁ giao phối với con đực thân bè, lông đen, quần thu được đời sau:

Thân mảnh, lông trắng, thẳng	169	341	34,1%
Thân bè, lông đen, quần	172		
Thân mảnh, lông đen, thẳng	19	40	4%
Thân bè, lông trắng, quần	21		
Thân mảnh, lông trắng, quần	8	14	1,4%
Thân bè, lông đen, thẳng	6		

Thân mảnh, lông đen, quăn	301	605	60,5%
Thân bè, lông trắng, thẳng	304		
	1000		

Hãy lập bản đồ di truyền xác định trật tự các gen và khoảng cách giữa chúng.

Kết quả phân li $F_2 \rightarrow$ di truyền liên kết, có hoán vị gen.

Theo đầu bài, ta có: A/a: thân mảnh/bè; B/b: thân trắng/đen; C/c: lông thẳng/quăn

F_2 : aaB-C-; A-bbcc: không xảy ra tái tổ hợp

A-B-C-; aabbcc: trao đổi chéo đơn (A với B)

A-bbC-; aaB-cc: trao đổi chéo đơn (B với C)

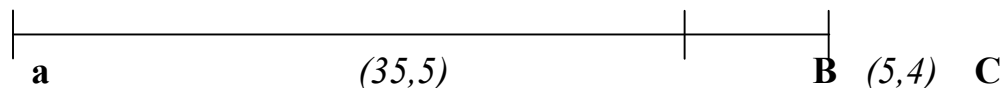
A-B-cc; aabbC-: trao đổi chéo kép (A, B, C)

Từ kết quả trên \rightarrow trình tự sắp xếp các gen: A – B – C, kiểu gen

$$F_1: \frac{aBC}{Abc} \times \frac{abc}{abc}$$

$$f(A-B) = \frac{169 + 172 + 6 + 8}{1000} \times 100\% = 35,5\%$$

$$f(B-C) = \frac{21 + 19 + 6 + 8}{1000} \times 100\% = 5,4\%$$



Bài 5. Cho F_1 dị hợp tử 3 cặp gen lai phân tích, F_B thu được như sau :

165 cây có KG : A-B-D-

88 cây có KG: A-B-dd

163 cây có KG: aabbdd

20 cây có kiểu gen: A-bbD-

86 cây có KG: aabbD-

18 cây có kiểu gen aaB-dd

(?) Biện luận và xác định kiểu gen của cây dị hợp nói trên và lập bản đồ về 3 cặp gen đó?

- Kết quả lai phân tích cho ra 6 loại KH \rightarrow cá thể dị hợp tạo ra 6 loại giao tử, 3 cặp gen liên kết không hoàn toàn, trao đổi chéo xảy ra tại 2 điểm không cùng lúc.

- Xác định 2 loại giao tử còn thiếu do TĐC kép là: A-bbdd và

aaB-D- \rightarrow trật tự gen trên NST làBAD

\rightarrow KG của cây dị hợp là: BAD/bad

- Khoảng cách giữa các gen:

+ Hai loại KG có tỉ lệ lớn: $[(165 + 163)/540] \times 100\% = 61\%$

➔ khoảng cách giữa B và D là : $100\% - 61\% = 39\% = 39\text{cM}$

➔ khoảng cách AD là: $[(88 + 86)/540] \times 100\% = 32\% = 32\text{cM}$

➔ khoảng cách BA là : $[(20 + 18)/540] \times 100\% = 7\% = 7\text{cM}$

-> vẽ bản đồ gen.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Dubin NP. 1981. *Di truyền học đại cương* (Bản dịch của Trần Đình Miên và Phan Cự Nhân). NXB Nông Nghiệp, Hà Nội

Hutt FB. 1964. *Di truyền học động vật*. (Bản dịch của Phan Cự Nhân). NXB Khoa học và Kỹ thuật, Hà Nội, 1978.

Phan Cự Nhân. 2001. *Di truyền học động vật*. NXB Khoa học và Kỹ thuật, Hà Nội.

Phan Cự Nhân (chủ biên), Nguyễn Minh Công, Đặng Hữu Lan. 1999. *Di truyền học* (2 tập). NXB Giáo Dục, Hà Nội.

Tiếng Anh

Campbell NA, Reece JB. 2001. *Essential Biology*. Benjamin/Cummings, an imprint of Addison Wesley Longman, Inc, San Francisco, CA.

Đông Hà, 01 tháng 5 năm 2013

Tác giả: Nguyễn Từ

nguyentusgd@gmail.com

0914.252.216