

4. Kopplung

Konzepte:

Gekoppelte Vererbung

Genkarten

Doppel-Crossover

Interferenz

Statistik



1. Sie analysieren die Kopplungsverhältnisse von 3 Mutationen in *Drosophila melanogaster* (*scute* [**sc**; keine Thoraxborsten], *echinus* [**ec**; raue Augen] und *vestigial* [**vg**] Stummelflügel). Zu diesem Zwecke wird ein Fliege, die alle drei Mutationen homozygot trägt, mit einem Wildtyp gekreuzt. Anschließend werden die F1 Nachkommen mit einem Tester gekreuzt. Dabei entstehen folgende Nachkommen:

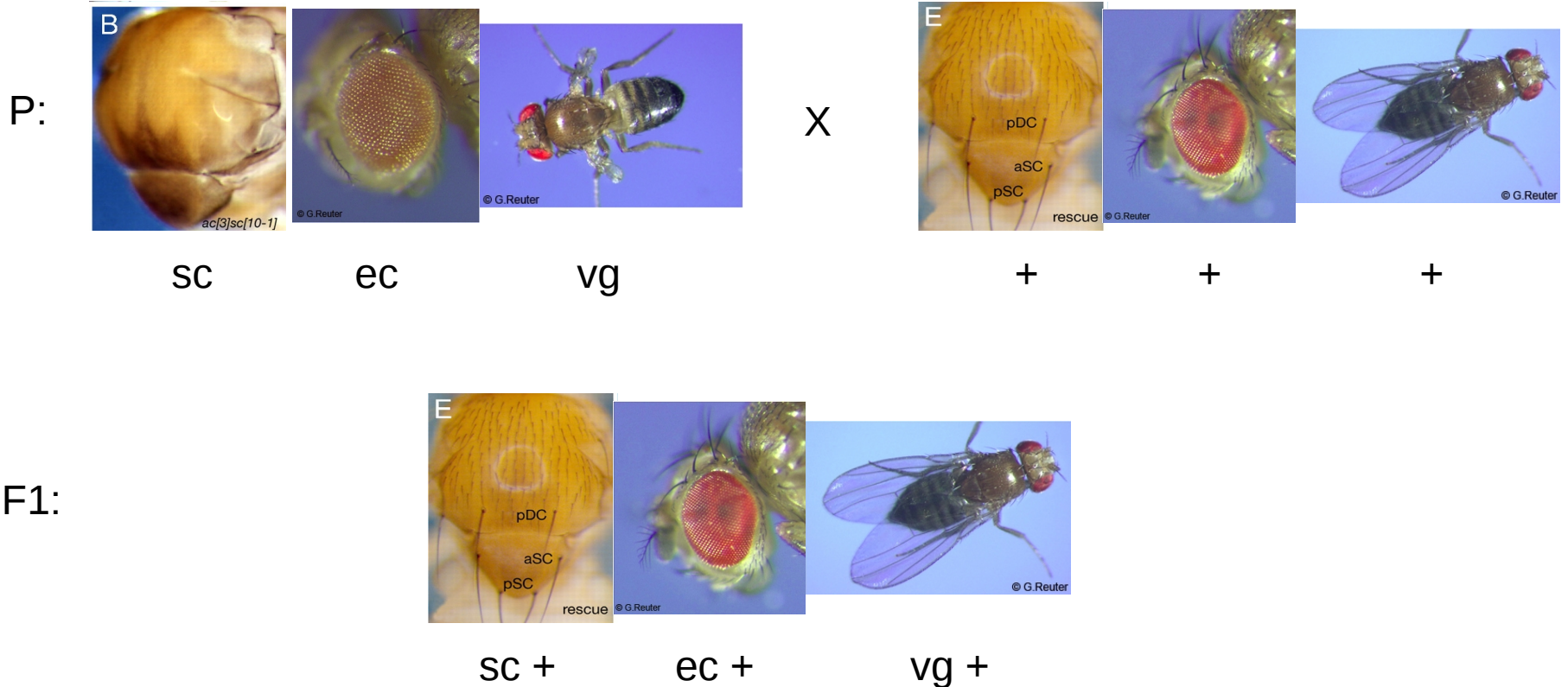
Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
<i>sc</i>	<i>ec</i>	<i>vg</i>	235	<i>parental</i>
+	+	+	241	<i>parental</i>
<i>sc</i>	<i>ec</i>	+	243	
+	+	<i>vg</i>	233	
<i>sc</i>	+	<i>vg</i>	12	
+	<i>ec</i>	+	14	
<i>sc</i>	+	+	14	
+	<i>ec</i>	<i>vg</i>	16	
			1008	

a) Wie häufig sollte jeder Genotyp auftauchen, wenn keine Kopplung zwischen den Genen vorliegt?

b) Welche Gene sind gekoppelt?

c) Berechnen Sie den Abstand zwischen den Genen.

1. Sie analysieren die Kopplungsverhältnisse von 3 Mutationen in *Drosophila melanogaster* (*scute* [**sc**; keine Thoraxborsten], *echinus* [**ec**; raue Augen] und *vestigial* [**vg**] Stummelflügel). Zu diesem Zwecke wird ein Fliege, die alle drei Mutationen homozygot trägt, mit einem Wildtyp gekreuzt. Anschließend werden die F1 Nachkommen mit einem Tester gekreuzt. Dabei entstehen folgende Nachkommen:



- a) Wie häufig sollte jeder Genotyp auftauchen, wenn keine Kopplung zwischen den Genen vorliegt?
b) Welche Gene sind gekoppelt?
c) Berechnen Sie den Abstand zwischen den Genen.

Es entstehen 8 Gametengentypen des heterozygoten F1 ♀

	Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
1	<i>sc</i>	<i>ec</i>	<i>vg</i>	235	<i>parental</i>
2	+	+	+	241	<i>parental</i>
3	<i>sc</i>	<i>ec</i>	+	243	
4	+	+	<i>vg</i>	233	
5	<i>sc</i>	+	<i>vg</i>	12	
6	+	<i>ec</i>	+	14	
7	<i>sc</i>	+	+	14	
8	+	<i>ec</i>	<i>vg</i>	16	
				1008	

↓
 Frequenz gibt Aufschluss
 über potentielle Kopplung
 der Gene

- a) Wie häufig sollte jeder Genotyp auftauchen, wenn keine Kopplung zwischen den Genen vorliegt?
 b) Welche Gene sind gekoppelt?
 c) Berechnen Sie den Abstand zwischen den Genen.

Es entstehen 8 Gametengentypen des heterozygoten F1 ♀

	Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
1	sc	ec	vg	235 1	parental
2	+	+	+	241 1	
3	sc	ec	+	243 1	
4	+	+	vg	233 1	
5	sc	+	vg	12 1	<u>→ keine Kopplung</u>
6	+	ec	+	14 1	
7	sc	+	+	14 1	
8	+	ec	vg	16 1	
				1008	



Frequenz gibt Aufschluss
über potentielle Kopplung
der Gene

a) Wie häufig sollte jeder Genotyp auftauchen, wenn keine Kopplung zwischen den Genen vorliegt?

b) Welche Gene sind gekoppelt?

c) Berechnen Sie den Abstand zwischen den Genen.

Es entstehen 8 Gametengentypen des heterozygoten F1 ♀

	Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
1	<i>sc</i>	<i>ec</i>	<i>vg</i>	235	<i>parental</i>
2	+	+	+	241	<i>parental</i>
3	<i>sc</i>	<i>ec</i>	+	243	
4	+	+	<i>vg</i>	233	
5	<i>sc</i>	+	<i>vg</i>	12	
6	+	<i>ec</i>	+	14	
7	<i>sc</i>	+	+	14	
8	+	<i>ec</i>	<i>vg</i>	16	
				1008	

Rekombination zwischen *sc* und *vg*:

a) Wie häufig sollte jeder Genotyp auftauchen, wenn keine Kopplung zwischen den Genen vorliegt?

b) Welche Gene sind gekoppelt?

c) Berechnen Sie den Abstand zwischen den Genen.

Es entstehen 8 Gametengentypen des heterozygoten F1 ♀

	Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
1	<i>sc</i>	<i>ec</i>	<i>vg</i>	235	<i>parental</i>
2	+	+	+	241	<i>parental</i>
3	<i>sc</i>	<i>ec</i>	+	243 *	
4	+	+	<i>vg</i>	233 *	
5	<i>sc</i>	+	<i>vg</i>	12	
6	+	<i>ec</i>	+	14	
7	<i>sc</i>	+	+	14 *	
8	+	<i>ec</i>	<i>vg</i>	16 *	
				1008	

Rekombination zwischen *sc* und *vg*:

a) Wie häufig sollte jeder Genotyp auftauchen, wenn keine Kopplung zwischen den Genen vorliegt?

b) Welche Gene sind gekoppelt?

c) Berechnen Sie den Abstand zwischen den Genen.

Es entstehen 8 Gametengentypen des heterozygoten F1 ♀

	Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
1	sc	ec	vg	235	parental
2	+	+	+	241	parental
3	sc	ec	+	243 *	
4	+	+	vg	233 *	
5	sc	+	vg	12	
6	+	ec	+	14	
7	sc	+	+	14 *	
8	+	ec	vg	16 *	
				1008	

Rekombination zwischen sc und vg: **506** $\approx$ 50%

a) Wie häufig sollte jeder Genotyp auftauchen, wenn keine Kopplung zwischen den Genen vorliegt?

b) Welche Gene sind gekoppelt?

c) Berechnen Sie den Abstand zwischen den Genen.

Es entstehen 8 Gametengentypen des heterozygoten F1 ♀

	Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
1	sc	ec	vg	235	parental
2	+	+	+	241	parental
3	sc	ec	+	243 *	
4	+	+	vg	233 *	
5	sc	+	vg	12	
6	+	ec	+	14	
7	sc	+	+	14 *	
8	+	ec	vg	16 *	
				1008	

Rekombination zwischen sc und vg: **506** $\approx$ 50% → keine Kopplung

a) Wie häufig sollte jeder Genotyp auftauchen, wenn keine Kopplung zwischen den Genen vorliegt?

b) Welche Gene sind gekoppelt?

c) Berechnen Sie den Abstand zwischen den Genen.

Es entstehen 8 Gametengentypen des heterozygoten F1 ♀

	Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
1	sc	ec	vg	235	parental
2	+	+	+	241	parental
3	sc	ec	+	243 *	
4	+	+	vg	233 *	
5	sc	+	vg	12	
6	+	ec	+	14	
7	sc	+	+	14 *	
8	+	ec	vg	16 *	
				1008	

Rekombination zwischen sc und vg: **506** $\approx 50\%$ → keine Kopplung

Rekombination zwischen sc und ec:

a) Wie häufig sollte jeder Genotyp auftauchen, wenn keine Kopplung zwischen den Genen vorliegt?

b) Welche Gene sind gekoppelt?

c) Berechnen Sie den Abstand zwischen den Genen.

Es entstehen 8 Gametengentypen des heterozygoten F1 ♀

	Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
1	sc	ec	vg	235	parental
2	+	+	+	241	parental
3	sc	ec	+	243 *	
4	+	+	vg	233 *	
5	sc	+	vg	12 *	
6	+	ec	+	14 *	
7	sc	+	+	14 * *	
8	+	ec	vg	16 * *	
				1008	

Rekombination zwischen sc und vg: **506** $\approx 50\%$ → keine Kopplung

Rekombination zwischen sc und ec: **56** $\approx 5.5\%$

a) Wie häufig sollte jeder Genotyp auftauchen, wenn keine Kopplung zwischen den Genen vorliegt?

b) Welche Gene sind gekoppelt?

c) Berechnen Sie den Abstand zwischen den Genen.

Es entstehen 8 Gametengentypen des heterozygoten F1 ♀

	Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
1	sc	ec	vg	235	parental
2	+	+	+	241	parental
3	sc	ec	+	243 *	
4	+	+	vg	233 *	
5	sc	+	vg	12 *	
6	+	ec	+	14 *	
7	sc	+	+	14 * *	
8	+	ec	vg	16 * *	
				1008	

Rekombination zwischen sc und vg: **506** $\approx 50\%$ → keine Kopplung

Rekombination zwischen sc und ec: **56** $\approx 5.5\%$ → Kopplung

a) Wie häufig sollte jeder Genotyp auftauchen, wenn keine Kopplung zwischen den Genen vorliegt?

b) Welche Gene sind gekoppelt?

c) Berechnen Sie den Abstand zwischen den Genen.

Es entstehen 8 Gametengentypen des heterozygoten F1 ♀

	Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
1	sc	ec	vg	235	parental
2	+	+	+	241	parental
3	sc	ec	+	243 *	
4	+	+	vg	233 *	
5	sc	+	vg	12 *	
6	+	ec	+	14 *	
7	sc	+	+	14 * *	
8	+	ec	vg	16 * *	
				1008	

Rekombination zwischen sc und vg: **506** $\approx 50\%$ → keine Kopplung

Rekombination zwischen sc und ec: **56** $\approx 5.5\%$ → Kopplung

Rekombination zwischen ec und vg:

- a) Wie häufig sollte jeder Genotyp auftauchen, wenn keine Kopplung zwischen den Genen vorliegt?
 b) Welche Gene sind gekoppelt?
 c) Berechnen Sie den Abstand zwischen den Genen.

Es entstehen 8 Gametengentypen des heterozygoten F1 ♀

	Nachkommen			Frequenz			Bemerkungen
1	sc	ec	vg	235			parental
2	+	+	+	241			parental
3	sc	ec	+	243	*	*	
4	+	+	vg	233	*	*	
5	sc	+	vg	12		*	*
6	+	ec	+	14		*	*
7	sc	+	+	14	*	*	
8	+	ec	vg	16	*	*	
				1008			

Rekombination zwischen sc und vg: **506** $\approx 50\%$ → keine Kopplung

Rekombination zwischen sc und ec: **56** $\approx 5.5\%$ → Kopplung

Rekombination zwischen ec und vg: **502** $\approx 50\%$ → keine Kopplung

a) Wie häufig sollte jeder Genotyp auftauchen, wenn keine Kopplung zwischen den Genen vorliegt?

b) Welche Gene sind gekoppelt?

c) Berechnen Sie den Abstand zwischen den Genen.

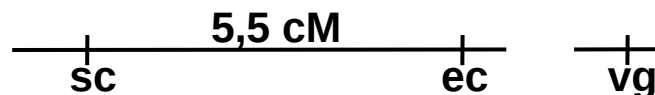
Es entstehen 8 Gametengentypen des heterozygoten F1 ♀

	Nachkommen			Frequenz			Bemerkungen
1	sc	ec	vg	235			parental
2	+	+	+	241			parental
3	sc	ec	+	243	*	*	
4	+	+	vg	233	*	*	
5	sc	+	vg	12		*	*
6	+	ec	+	14		*	*
7	sc	+	+	14	*	*	
8	+	ec	vg	16	*	*	
				1008			

Rekombination zwischen sc und vg: **506** $\approx 50\%$ → keine Kopplung

Rekombination zwischen sc und ec: **56** $\approx 5.5\%$ → Kopplung

Rekombination zwischen ec und vg: **502** $\approx 50\%$ → keine Kopplung



2. Sie analysieren die Kopplungsverhältnisse von 3 Genen (A, B, C; a, b, c). Zu diesem Zwecke wird folgende Kreuzung durchgeführt:

$$++\ aa\ bb \quad \times \quad cc\ ++\ ++$$

Anschliessend werden die F1 Nachkommen mit einem Tester gekreuzt. Dabei entstehen folgende Nachkommen:

Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
c	+	+	580	parental parental
+	b	a	592	
c	b	+	45	
+	+	a	40	
c	b	a	89	
+	+	+	94	
c	+	a	3	
+	b	+	5	
			1448	

- a) Welche Gene sind gekoppelt?
- b) Erstellen Sie eine Genkarte.
- c) Berechnen Sie die Anzahl der *erwarteten* Doppelrekombinationsereignisse (unter Anwendung der Produktregel).
- d) Berechnen Sie den “*Koeffizienten der Koinzidenz*” und die “*Interferenz*”.

P: ++ aa bb x cc ++ ++

F1: a+ b+ c+ x Tester

	Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
1	c	+	+	580	parental
2	+	b	a	592	parental
3	c	b	+	45	
4	+	+	a	40	
5	c	b	a	89	
6	+	+	+	94	
7	c	+	a	3	
8	+	b	+	5	
				1448	

P: ++ aa bb x cc ++ ++

F1: a+ b+ c+ x aa bb cc

	Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
1	c	+	+	580	parental
2	+	b	a	592	parental
3	c	b	+	45	
4	+	+	a	40	
5	c	b	a	89	
6	+	+	+	94	
7	c	+	a	3	
8	+	b	+	5	
				1448	

- Welche Gene sind gekoppelt?
- Erstellen Sie eine Genkarte.
- Berechnen Sie die Anzahl der *erwarteten* Doppelrekombinationsereignisse (unter Anwendung der Produktregel).
- Berechnen Sie den "Koeffizienten der Koinzidenz" und die "Interferenz".

P: ++ aa bb x cc ++ ++

F1: a+ b+ c+ x aa bb cc

	Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
1	c	+	+	580	parental
2	+	b	a	592	parental
3	c	b	+	45	
4	+	+	a	40	
5	c	b	a	89	
6	+	+	+	94	
7	c	+	a	3	
8	+	b	+	5	
				1448	

sind Gene gekoppelt?



- Welche Gene sind gekoppelt?
- Erstellen Sie eine Genkarte.
- Berechnen Sie die Anzahl der *erwarteten* Doppelrekombinationsereignisse (unter Anwendung der Produktregel).
- Berechnen Sie den "Koeffizienten der Koinzidenz" und die "Interferenz".

P: ++ aa bb x cc ++ ++

F1: a+ b+ c+ x aa bb cc

	Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
1	c	+	+	580	parental
2	+	b	a	592	parental
3	c	b	+	45	* *
4	+	+	a	40	* *
5	c	b	a	89	* *
6	+	+	+	94	* *
7	c	+	a	3	* *
8	+	b	+	5	* *
				1448	

Rekombination zwischen c und a: **191** $\approx 13,2\%$

Rekombination zwischen a und b: **93** $\approx 6,4\%$

Rekombination zwischen c und b: **268** $\approx 18,5\%$

P ++ aa bb x cc ++ ++

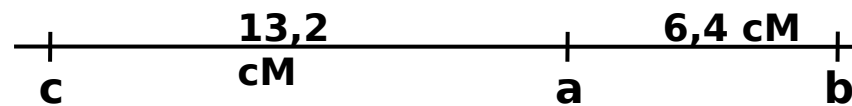
F1 a+ b+ c+ x aa bb cc

	Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
1	c	+	+	580	parental
2	+	b	a	592	parental
3	c	b	+	45	* *
4	+	+	a	40	* *
5	c	b	a	89	* *
6	+	+	+	94	* *
7	c	+	a	3	* *
8	+	b	+	5	* *
				1448	

Rekombination zwischen c und a: **191** $\approx 13,2\%$

Rekombination zwischen a und b: **93** $\approx 6,4\%$

Rekombination zwischen c und b: **268** $\approx 18,5\%$



P ++ aa bb x cc ++ ++

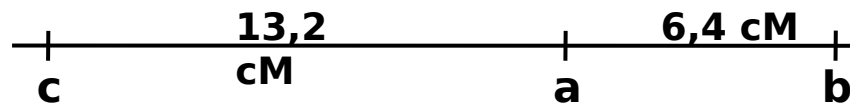
F1 a+ b+ c+ x aa bb cc

	Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
1	c	+	+	580	parental
2	+	b	a	592	parental
3	c	b	+	45	* *
4	+	+	a	40	* *
5	c	b	a	89	* *
6	+	+	+	94	* *
7	c	+	a	3	* *
8	+	b	+	5	* *
				1448	

Rekombination zwischen c und a: **191** $\approx 13,2\%$

Rekombination zwischen a und b: **93** $\approx 6,4\%$

Rekombination zwischen c und b: **268** $\approx 18,5\%$



P ++ aa bb x cc ++ ++

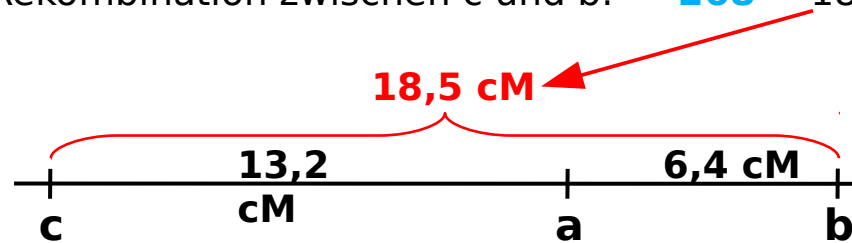
F1 a+ b+ c+ x aa bb cc

	Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
1	c	+	+	580	parental
2	+	b	a	592	parental
3	c	b	+	45	* *
4	+	+	a	40	* *
5	c	b	a	89	* *
6	+	+	+	94	* *
7	c	+	a	3	* *
8	+	b	+	5	* *
				1448	

Rekombination zwischen c und a: **191** $\approx 13,2\%$

Rekombination zwischen a und b: **93** $\approx 6,4\%$

Rekombination zwischen c und b: **268** $\approx 18,5\%$



P ++ aa bb x cc ++ ++

F1 a+ b+ c+ x aa bb cc

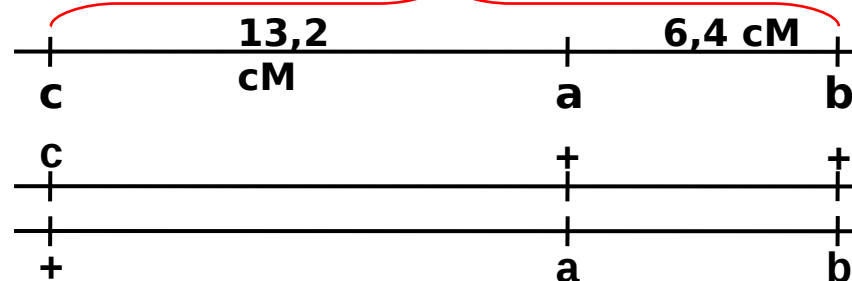
	Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
1	c	+	+	580	parental
2	+	b	a	592	parental
3	c	b	+	45	* *
4	+	+	a	40	* *
5	c	b	a	89	* *
6	+	+	+	94	* *
7	c	+	a	3	* *
8	+	b	+	5	* *
				1448	

Rekombination zwischen c und a: **191** $\approx 13,2\%$

Rekombination zwischen a und b: **93** $\approx 6,4\%$

Rekombination zwischen c und b: **268** $\approx 18,5\%$

13,2 cM + 6,4 cM = 19,6 cM!!! $\leftrightarrow$ 18,5 cM



P ++ aa bb x cc ++ ++

F1 a+ b+ c+ x aa bb cc

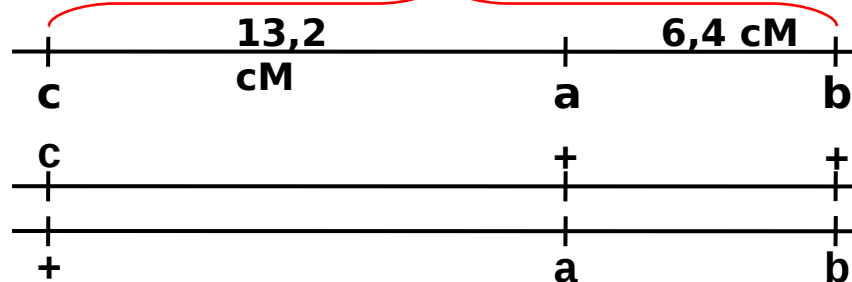
	Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
1	c	+	+	580	parental
2	+	b	a	592	parental
3	c	b	+	45	* *
	+	+	a	40	
4	c	b	a	89	* *
	+	+	+	94	
6	c	+	a	3	* *
	+	b	+	5	
				1448	

Rekombination zwischen c und a: **191** $\approx 13,2\%$

Rekombination zwischen a und b: **93** $\approx 6,4\%$

Rekombination zwischen c und b: **268** $\approx 18,5\%$

13,2 cM + 6,4 cM = 19,6 cM!!! $\leftrightarrow$ 18,5 cM



P ++ aa bb x cc ++ ++

F1 a+ b+ c+ x aa bb cc

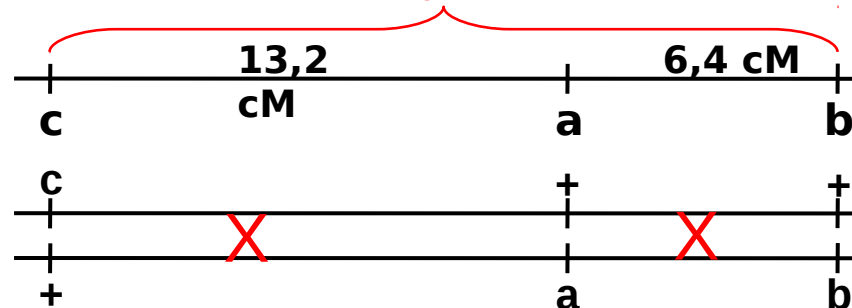
	Nachkommen			Frequenz	Bemerkungen
1	c	+	+	580	parental
2	+	b	a	592	parental
3	c	b	+	45	* *
4	+	+	a	40	* *
5	c	b	a	89	* *
6	+	+	+	94	* *
7	c	+	a	3	* *
8	+	b	+	5	* *
				1448	

Rekombination zwischen c und a: **191** $\approx 13,2\%$

Rekombination zwischen a und b: **93** $\approx 6,4\%$

Rekombination zwischen c und b: **268** $\approx 18,5\%$

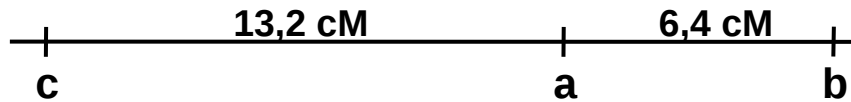
13,2 cM + 6,4 cM = 19,6 cM!!! $\leftrightarrow$ 18,5 cM



R zw. c und b inkl.
Doppelrek.:

$$268 + (3 + 5) \times 2 = 284 = 19,6 \%$$

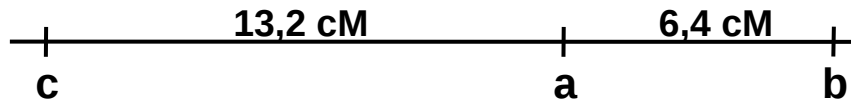
Erfolgen Crossing-over Ereignisse unabhängig voneinander?



c - a Rekombinationsfrequenz = 0,132

a - b Rekombinationsfrequenz = 0,064

Erfolgen Crossing-over Ereignisse unabhängig voneinander?

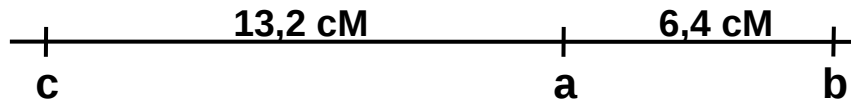


c - a Rekombinationsfrequenz = 0,132

a - b Rekombinationsfrequenz = 0,064

Wahrscheinlichkeit des Auftretens von Doppelrekombinanten →
Produktregel:

Erfolgen Crossing-over Ereignisse unabhängig voneinander?



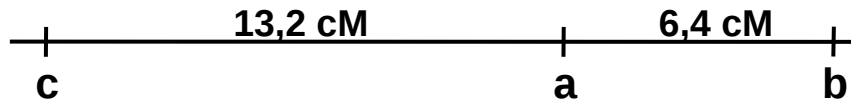
c - a Rekombinationsfrequenz = 0,132

a - b Rekombinationsfrequenz = 0,064

Wahrscheinlichkeit des Auftretens von Doppelrekombinanten →
Produktregel:

$0,132 \times 0,064 = 0,0084 \rightarrow 0,0084 \times 1448 = 12$ erwartet
8 beobachtet

Erfolgen Crossing-over Ereignisse unabhängig voneinander?



c - a Rekombinationsfrequenz = 0,132

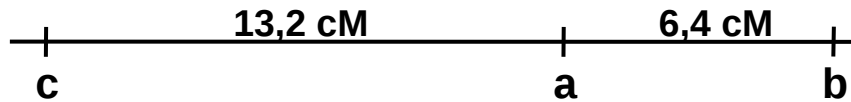
a - b Rekombinationsfrequenz = 0,064

Wahrscheinlichkeit des Auftretens von Doppelrekombinanten →
Produktregel:

$0,132 \times 0,064 = 0,0084 \rightarrow 0,0084 \times 1448 = 12$ erwartet
8 beobachtet

Interferenz = ein Crossing-over beeinflusst Crossing-over Ereignisse
in der Nachbarschaft

Erfolgen Crossing-over Ereignisse unabhängig voneinander?



c - a Rekombinationsfrequenz = 0,132

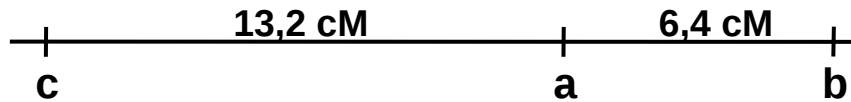
a - b Rekombinationsfrequenz = 0,064

Wahrscheinlichkeit des Auftretens von Doppelrekombinanten →
Produktregel:

$0,132 \times 0,064 = 0,0084 \rightarrow 0,0084 \times 1448 = 12$ erwartet
8 beobachtet

Interferenz = ein Crossing-over beeinflusst Crossing-over Ereignisse
in der Nachbarschaft

Erfolgen Crossing-over Ereignisse unabhängig voneinander?



c - a Rekombinationsfrequenz = 0,132

a - b Rekombinationsfrequenz = 0,064

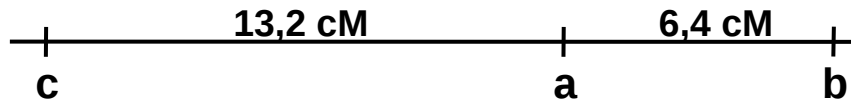
Wahrscheinlichkeit des Auftretens von Doppelrekombinanten →
Produktregel:

$0,132 \times 0,064 = 0,0084 \rightarrow 0,0084 \times 1448 = 12$ erwartet
8 beobachtet

Interferenz = ein Crossing-over beeinflusst Crossing-over Ereignisse
in der Nachbarschaft

I = $1 - \text{c.o.c.}$ (Koeffizient der Koinzidenz)

Erfolgen Crossing-over Ereignisse unabhängig voneinander?



c - a Rekombinationsfrequenz = 0,132

a - b Rekombinationsfrequenz = 0,064

Wahrscheinlichkeit des Auftretens von Doppelrekombinanten →
Produktregel:

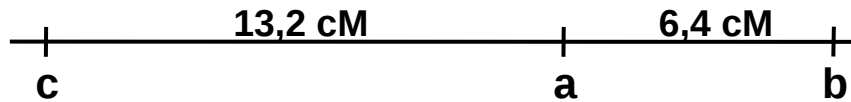
$0,132 \times 0,064 = 0,0084 \rightarrow 0,0084 \times 1448 = 12$ erwartet
8 beobachtet

Interferenz = ein Crossing-over beeinflusst Crossing-over Ereignisse
in der Nachbarschaft

I = $1 - \text{c.o.c.}$ (Koeffizient der Koinzidenz)

I = $1 - \frac{\text{Anzahl beobachtete Doppelrekombinante}}{\text{Anzahl erwartete Doppelrekombinante}}$

Erfolgen Crossing-over Ereignisse unabhängig voneinander?



c - a Rekombinationsfrequenz = 0,132

a - b Rekombinationsfrequenz = 0,064

Wahrscheinlichkeit des Auftretens von Doppelrekombinanten →
Produktregel:

$0,132 \times 0,064 = 0,0084 \rightarrow 0,0084 \times 1448 = 12$ erwartet
8 beobachtet

Interferenz = ein Crossing-over beeinflusst Crossing-over Ereignisse
in der Nachbarschaft

I = 1 - c.o.c. (Koeffizient der Koinzidenz)

$$= 1 - \frac{\text{Anzahl beobachtete Doppelrekombinante}}{\text{Anzahl erwartete Doppelrekombinante}}$$

$$= 1 - \frac{8}{12} \quad \mathbf{1 - 0.67 \rightarrow I = 1/3 = 0,33}$$

c.o.c. = 0 → **I** = 1 → komplette Interferenz

Wie erstellt man eine Genkarte/Kopplungskarte?

1. Berechnung der RF für jedes Genpaar
2. Darstellung der Kopplung
3. Bestimmung der Doppelrekombinanten
4. Berechnung der erwarteten Doppelrekombinanten
5. Berechnung der Interferenz

3. Sie analysieren die Kopplungsverhältnisse von 2 Genen (A, B; a, b). Zu diesem Zwecke wird folgende Kreuzung durchgeführt:

aa bb (Elter 1) X AA BB (Elter 2)

Anschließend werden die F1 Nachkommen mit einem Tester gekreuzt. Dabei entstehen folgende Nachkommen:

Nachkommen	Frequenz	Bemerkungen
AB	140	<i>parental</i>
ab	135	<i>parental</i>
Ab	110	
aB	115	
	500	

Analysieren Sie mit Hilfe eines X^2 –(Chi-Quadrat) Tests, ob A und B gekoppelte oder nicht-gekoppelt Gene sind.

P aa bb x WT

F1 a+ b+ x aa bb

Nachkommen	Frequenz	Bemerkungen
AB	140	<i>parental</i>
ab	135	<i>parental</i>
Ab	110	
aB	115	
	500	

P aa bb x WT

F1 a+ b+ x aa bb

Nachkommen	Frequenz	Bemerkungen
AB	140	<i>parental</i>
ab	135	<i>parental</i>
Ab	110	} $\frac{225}{500} = 45\%$
aB	115	
	500	

RF nahe, aber $< 50\%$ → Kopplung?

P aa bb x WT

F1 a+ b+ x aa bb

Nachkommen	Frequenz	Bemerkungen
AB	140	<i>parental</i>
ab	135	<i>parental</i>
Ab	110	} $\frac{225}{500} = 45\%$
aB	115	
	500	

RF nahe, aber $< 50\%$ → Kopplung?

Unabhängige Spaltung → 1 : 1 : 1 : 1 → 125 : 125 : 125 : 125

P aa bb x WT

F1 a+ b+ x aa bb

Nachkommen	Frequenz	Bemerkungen
AB	140	<i>parental</i>
ab	135	<i>parental</i>
Ab	110	} $\frac{225}{500} = 45\%$
aB	115	
	500	

RF nahe, aber $< 50\%$ → Kopplung?

Unabhängige Spaltung → 1 : 1 : 1 : 1 → 125 : 125 : 125 : 125

Voraussetzungen:

1. Keinerlei Kopplung zwischen A und B
2. Gleiche Überlebensfähigkeit (viability) aller Allelkombinationen
→ rezessive Allele haben oft nachteilige Effekte auf Überlebensfähigkeit
→ Lethalität

P aa bb x WT

F1 a+ b+ x aa bb

Nachkommen	Frequenz	Bemerkungen
AB	140	<i>parental</i>
ab	135	<i>parental</i>
Ab	110	} $\frac{225}{500} = 45\%$
aB	115	
	500	

RF nahe, aber $< 50\%$ → Kopplung?

Unabhängige Spaltung → 1 : 1 : 1 : 1 → 125 : 125 : 125 : 125

Voraussetzungen:

1. Keinerlei Kopplung zwischen A und B
2. Gleiche Überlebensfähigkeit (viability) aller Allelkombinationen
→ rezessive Allele haben oft nachteilige Effekte auf Überlebensfähigkeit
→ Lethalität
→ Methode zur Berechnung der erwarteten Spaltung unter Einbeziehung der Fitness einzelner Allele benötigt!

Nachkommen	Frequenz	Bemerkungen
AB	140	<i>parental</i>
ab	135	<i>parental</i>
Ab	110	
aB	115	
	500	

Allelfrequenz = relative Häufigkeit p eines Allels in einer Population

Wenn Überlebensfähigkeit von $a = A$, dann $p(a) = p(A) = 0,5$ bzw. 50%

Nachkommen	Frequenz	Bemerkungen
AB	140	<i>parental</i>
ab	135	<i>parental</i>
Ab	110	
aB	115	
	500	

Allelfrequenz = relative Häufigkeit p eines Allels in einer Population

Wenn Überlebensfähigkeit von $a = A$, dann $p(a) = p(A) = 0,5$ bzw. 50%

$$p(A) = (140 + 110)/500 = 0,50$$

$$p(a) = (135 + 115)/500 = 0,50$$

Nachkommen	Frequenz	Bemerkungen
AB	140	<i>parental</i>
ab	135	<i>parental</i>
Ab	110	
aB	115	
	500	

Allelfrequenz = relative Häufigkeit p eines Allels in einer Population

Wenn Überlebensfähigkeit von $a = A$, dann $p(a) = p(A) = 0,5$ bzw. 50%

$$p(A) = (140 + 110)/500 = 0,50$$

$$p(a) = (135 + 115)/500 = 0,50$$

$$p(B) = (140 + 115)/500 = 0,51$$

Nachkommen	Frequenz	Bemerkungen
AB	140	<i>parental</i>
ab	135	<i>parental</i>
Ab	110	
aB	115	
	500	

Allelfrequenz = relative Häufigkeit p eines Allels in einer Population

Wenn Überlebensfähigkeit von $a = A$, dann $p(a) = p(A) = 0,5$ bzw. 50%

$$p(A) = (140 + 110)/500 = 0,50$$

$$p(a) = (135 + 115)/500 = 0,50$$

$$p(B) = (140 + 115)/500 = 0,51$$

$$p(b) = (135 + 110)/500 = 0,49$$

Nachkommen	Frequenz	Ei	Bemerkungen
AB	140	127,5	<i>parental</i>
ab	135		<i>parental</i>
Ab	110		
aB	115		
	500		

Allelfrequenz = relative Häufigkeit p eines Allels in einer Population

Wenn Überlebensfähigkeit von $a = A$, dann $p(a) = p(A) = 0,5$ bzw. 50%

$$p(A) = (140 + 110)/500 = 0,50$$

$$p(a) = (135 + 115)/500 = 0,50$$

$$p(B) = (140 + 115)/500 = 0,51$$

$$p(b) = (135 + 110)/500 = 0,49$$

$$p(AB) = 0,50 \times 0,51 = 0,255 \rightarrow 0,255 \times 500 = 127,5$$

Nachkommen	Frequenz	E_i	Bemerkungen
AB	140	127,5	<i>parental</i>
ab	135	122,5	<i>parental</i>
Ab	110	122,5	
aB	115	127,5	
	500		

Allelfrequenz = relative Häufigkeit p eines Allels in einer Population

Wenn Überlebensfähigkeit von $a = A$, dann $p(a) = p(A) = 0,5$ bzw. 50%

$$p(A) = (140 + 110)/500 = 0,50$$

$$p(a) = (135 + 115)/500 = 0,50$$

$$p(B) = (140 + 115)/500 = 0,51$$

$$p(b) = (135 + 110)/500 = 0,49$$

$$p(AB) = 0,50 \times 0,51 = 0,255 \rightarrow 0,255 \times 500 = 127,5$$

$$p(ab) = 0,50 \times 0,49 = 0,245 \rightarrow 0,245 \times 500 = 122,5$$

$$p(Ab) = 0,50 \times 0,49 = 0,245 \rightarrow 0,245 \times 500 = 122,5$$

$$p(aB) = 0,50 \times 0,51 = 0,255 \rightarrow 0,255 \times 500 = 127,5$$

korrigierte
Erwartungswerte
unter Einbeziehung
d. Allelfrequenzen

Nachkommen	Bi	Ei	Bemerkungen
AB	140	127,5	<i>parental</i>
ab	135	122,5	<i>parental</i>
Ab	110	122,5	
aB	115	127,5	
	500		

χ^2 Test: statistische Methode zur Berechnung der Abweichung von Vorhersagen

χ^2 Wert: gibt die Wahrscheinlichkeit p an, dass die Abweichung zwischen beobachtetem und erwartetem Wert auf Zufall beruht

Nachkommen	Bi	Ei	Bemerkungen
AB	140	127,5	<i>parental</i>
ab	135	122,5	<i>parental</i>
Ab	110	122,5	
aB	115	127,5	
	500		

χ^2 Test: statistische Methode zur Berechnung der Abweichung von Vorhersagen

χ^2 Wert: gibt die Wahrscheinlichkeit p an, dass die Abweichung zwischen beobachtetem und erwartetem Wert auf Zufall beruht

Fragestellung: Weichen die beobachteten Häufigkeiten B_i unserer Stichprobe signifikant von den erwarteten Häufigkeiten E_i ab?

Die Berechnung von χ^2 :

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^n \frac{(\text{beobachtete Häufigkeit} - \text{erwartete Häufigkeit})^2}{\text{erwartete Häufigkeit}}$$

wobei n = Anzahl der Merkmalsklassen

Nachkommen	Bi	Ei	Bemerkungen
AB	140	127,5	<i>parental</i>
ab	135	122,5	<i>parental</i>
Ab	110	122,5	
aB	115	127,5	
	500		

χ^2 Test: statistische Methode zur Berechnung der Abweichung von Vorhersagen

χ^2 Wert: gibt die Wahrscheinlichkeit p an, dass die Abweichung zwischen beobachtetem und erwartetem Wert auf Zufall beruht

Fragestellung: Weichen die beobachteten Häufigkeiten B_i unserer Stichprobe signifikant von den erwarteten Häufigkeiten E_i ab?

Die Berechnung von χ^2 :

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^n \frac{(\text{beobachtete Häufigkeit} - \text{erwartete Häufigkeit})^2}{\text{erwartete Häufigkeit}} = \sum_{i=1}^n \frac{(B_i - E_i)^2}{E_i}$$

wobei n = Anzahl der Merkmalsklassen

Nachkommen	Bi	Ei	Bi - Ei	Bemerkungen
AB	140	127,5	12,5	<i>parental</i>
ab	135	122,5	12,5	<i>parental</i>
Ab	110	122,5	-12,5	
aB	115	127,5	-12,5	
	500			

χ^2 Test: statistische Methode zur Berechnung der Abweichung von Vorhersagen

χ^2 Wert: gibt die Wahrscheinlichkeit p an, dass die Abweichung zwischen beobachtetem und erwartetem Wert auf Zufall beruht

Fragestellung: Weichen die beobachteten Häufigkeiten B_i unserer Stichprobe signifikant von den erwarteten Häufigkeiten E_i ab?

Die Berechnung von χ^2 :

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^n \frac{(\text{beobachtete Häufigkeit} - \text{erwartete Häufigkeit})^2}{\text{erwartete Häufigkeit}} = \sum_{i=1}^n \frac{(B_i - E_i)^2}{E_i}$$

wobei n = Anzahl der Merkmalsklassen

Nachkommen	Bi	Ei	Bi - Ei	$\frac{(Bi - Ei)^2}{Ei}$	Bemerkungen
AB	140	127,5	12,5	1,23	<i>parental</i>
ab	135	122,5	12,5	1,28	<i>parental</i>
Ab	110	122,5	-12,5	1,28	
aB	115	127,5	-12,5	1,23	
	500			$\Sigma X^2=5,02$	

χ^2 Test: statistische Methode zur Berechnung der Abweichung von Vorhersagen

χ^2 Wert: gibt die Wahrscheinlichkeit p an, dass die Abweichung zwischen beobachtetem und erwartetem Wert auf Zufall beruht

Fragestellung: Weichen die beobachteten Häufigkeiten B_i unserer Stichprobe signifikant von den erwarteten Häufigkeiten E_i ab?

Die Berechnung von χ^2 :

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^n \frac{(\text{beobachtete Häufigkeit} - \text{erwartete Häufigkeit})^2}{\text{erwartete Häufigkeit}} = \sum_{i=1}^n \frac{(B_i - E_i)^2}{E_i}$$

wobei n = Anzahl der Merkmalsklassen

Nachkommen	Bi	Ei	Bi - Ei	$\frac{(Bi - Ei)^2}{Ei}$	Bemerkungen
AB	140	127,5	12,5	1,23	<i>parental</i>
ab	135	122,5	12,5	1,28	<i>parental</i>
Ab	110	122,5	-12,5	1,28	<i>rekombinant</i>
aB	115	127,5	-12,5	1,23	<i>rekombinant</i>
	500			$\Sigma X^2=5,02$	

χ^2 Wert des Experiments
 → wird mit tabellarischen
 Werten verglichen um
 abzuschätzen ob die
 Abweichung zufällig ist

(p< 0.05 → 5% Fehler-
 wahrscheinlichkeit)

Nachkommen	Bi	Ei	Bi - Ei	$\frac{(Bi - Ei)^2}{Ei}$	Bemerkungen
AB	140	127,5	12,5	1,23	<i>parental</i>
ab	135	122,5	12,5	1,28	<i>parental</i>
Ab	110	122,5	-12,5	1,28	<i>rekombinant</i>
aB	115	127,5	-12,5	1,23	<i>rekombinant</i>
	500			$\Sigma X^2=5,02$	

χ^2 Wert des Experiments
 → wird mit tabellarischen
 Werten verglichen um
 abzuschätzen ob die
 Abweichung zufällig ist

TABLE C: χ^2 CRITICAL VALUES

df	Tail probability <i>p</i>										
	.25	.20	.15	.10	.05	.025	.02	.01	.005	.0025	.001
1	1.32	1.64	2.07	2.71	3.84	5.02	5.41	6.63	7.88	9.14	10.83
2	2.77	3.22	3.79	4.61	5.99	7.38	7.82	9.21	10.60	11.98	13.82
3	4.11	4.64	5.32	6.25	7.81	9.35	9.84	11.34	12.84	14.32	16.27
4	5.39	5.99	6.74	7.78	9.49	11.14	11.67	13.28	14.86	16.42	18.47
5	6.63	7.29	8.12	9.24	11.07	12.83	13.39	15.09	16.75	18.39	20.51
6	7.84	8.56	9.45	10.64	12.59	14.45	15.03	16.81	18.55	20.25	22.46
7	9.04	9.80	10.75	12.02	14.07	16.01	16.62	18.48	20.28	22.04	24.32
8	10.22	11.03	12.03	13.36	15.51	17.53	18.17	20.09	21.95	23.77	26.12
9	11.39	12.24	13.29	14.68	16.92	19.02	19.68	21.67	23.59	25.46	27.88
10	12.55	13.44	14.53	15.99	18.31	20.48	21.16	23.21	25.19	27.11	29.59
11	13.70	14.63	15.77	17.28	19.68	21.92	22.62	24.72	26.76	28.73	31.26
12	14.85	15.81	16.99	18.55	21.03	23.34	24.05	26.22	28.30	30.32	32.91
13	15.98	16.98	18.20	19.81	22.36	24.74	25.47	27.69	29.82	31.88	34.53

($p < 0.05$ → 5% Fehler-
 wahrscheinlichkeit)

Nachkommen	Bi	Ei	Bi - Ei	$\frac{(Bi - Ei)^2}{Ei}$	Bemerkungen
AB	140	127,5	12,5	1,23	parental
ab	135	122,5	12,5	1,28	parental
Ab	110	122,5	-12,5	1,28	rekombinant
aB	115	127,5	-12,5	1,23	rekombinant
	500			$\Sigma X^2=5,02$	

df = Freiheitsgrade
(degrees of freedom)
= $n - 1$ bzw. Anzahl
unabh. Abweichungen
zw. Bi und Ei

TABLE C: χ^2 CRITICAL VALUES

df	Tail probability p										
	.25	.20	.15	.10	.05	.025	.02	.01	.005	.0025	.001
1	1.32	1.64	2.07	2.71	3.84	5.02	5.41	6.63	7.88	9.14	10.83
2	2.77	3.22	3.79	4.61	5.99	7.38	7.82	9.21	10.60	11.98	13.82
3	4.11	4.64	5.32	6.25	7.81	9.35	9.84	11.34	12.84	14.32	16.27
4	5.39	5.99	6.74	7.78	9.49	11.14	11.67	13.28	14.86	16.42	18.47
5	6.63	7.29	8.12	9.24	11.07	12.83	13.39	15.09	16.75	18.39	20.51
6	7.84	8.56	9.45	10.64	12.59	14.45	15.03	16.81	18.55	20.25	22.46
7	9.04	9.80	10.75	12.02	14.07	16.01	16.62	18.48	20.28	22.04	24.32
8	10.22	11.03	12.03	13.36	15.51	17.53	18.17	20.09	21.95	23.77	26.12
9	11.39	12.24	13.29	14.68	16.92	19.02	19.68	21.67	23.59	25.46	27.88
10	12.55	13.44	14.53	15.99	18.31	20.48	21.16	23.21	25.19	27.11	29.59
11	13.70	14.63	15.77	17.28	19.68	21.92	22.62	24.72	26.76	28.73	31.26
12	14.85	15.81	16.99	18.55	21.03	23.34	24.05	26.22	28.30	30.32	32.91
13	15.98	16.98	18.20	19.81	22.36	24.74	25.47	27.69	29.82	31.88	34.53

Nachkommen	B_i	E_i	$B_i - E_i$	$\frac{(B_i - E_i)^2}{E_i}$	Bemerkungen
AB	140	127,5	12,5	1,23	<i>parental</i>
ab	135	122,5	12,5	1,28	<i>parental</i>
Ab	110	122,5	-12,5	1,28	<i>rekombinant</i>
aB	115	127,5	-12,5	1,23	<i>rekombinant</i>
	500			$\Sigma \chi^2 = 5,02$	

df = Freiheitsgrade
(degrees of freedom)
= $n - 1$ bzw. Anzahl
unabh. Abweichungen
zw. B_i und E_i

Test ob die Häufigkeit aller 4 Allelkombinationen
der Erwartung entspricht

$n=4$

dF
3

Nachkommen	Bi	Ei	Bi - Ei	$\frac{(Bi - Ei)^2}{Ei}$	Bemerkungen
AB	140	127,5	12,5	1,23	parental
ab	135	122,5	12,5	1,28	parental
Ab	110	122,5	-12,5	1,28	rekombinant
aB	115	127,5	-12,5	1,23	rekombinant
	500			$\Sigma X^2=5,02$	

$n = 4$

df = Freiheitsgrade
(degrees of freedom)
= $n - 1$ bzw. Anzahl
unabh. Abweichungen
zw. Bi und Ei

TABLE C: χ^2 CRITICAL VALUES

df	Tail probability p										
	.25	.20	.15	.10	.05	.025	.02	.01	.005	.0025	.001
1	1.32	1.64	2.07	2.71	3.84	5.02	5.41	6.63	7.88	9.14	10.83
2	2.77	3.22	3.79	4.61	5.99	7.38	7.82	9.21	10.60	11.98	13.82
3	4.11	4.64	5.32	6.25	7.81	9.35	9.84	11.34	12.84	14.32	16.27
4	5.39	5.99	6.74	7.78	9.49	11.14	11.67	13.28	14.86	16.42	18.47
5	6.63	7.29	8.12	9.24	11.07	12.83	13.39	15.09	16.75	18.39	20.51
6	7.84	8.56	9.45	10.64	12.59	14.45	15.03	16.81	18.55	20.25	22.46
7	9.04	9.80	10.75	12.02	14.07	16.01	16.62	18.48	20.28	22.04	24.32
8	10.22	11.03	12.03	13.36	15.51	17.53	18.17	20.09	21.95	23.77	26.12
9	11.39	12.24	13.29	14.68	16.92	19.02	19.68	21.67	23.59	25.46	27.88
10	12.55	13.44	14.53	15.99	18.31	20.48	21.16	23.21	25.19	27.11	29.59
11	13.70	14.63	15.77	17.28	19.68	21.92	22.62	24.72	26.76	28.73	31.26
12	14.85	15.81	16.99	18.55	21.03	23.34	24.05	26.22	28.30	30.32	32.91
13	15.98	16.98	18.20	19.81	22.36	24.74	25.47	27.69	29.82	31.88	34.53

5.02 < 7.81



$X^2_{Vers} \leq X^2_{Tab} \rightarrow$ keine sign. Abweichung zw. Bi u. Ei $\rightarrow$ freie Spaltung

$X^2_{Vers} > X^2_{Tab} \rightarrow$ Bi sign. abweichend von Ei $\rightarrow$ Kopplung

3. Sie analysieren die Kopplungsverhältnisse von 2 Genen (A, B; a, b). Zu diesem Zwecke wird folgende Kreuzung durchgeführt:

aa bb (Elter 1) X AA BB (Elter 2)

Anschließend werden die F1 Nachkommen mit einem Tester gekreuzt. Dabei entstehen folgende Nachkommen:

Nachkommen	Frequenz	Bemerkungen
AB	140	<i>parental</i>
ab	135	<i>parental</i>
Ab	110	
aB	115	
	500	

Analysieren Sie mit Hilfe eines χ^2 -(Chi-Quadrat) Tests, ob A und B gekoppelte oder nicht-gekoppelt Gene sind.

bei $p = 0.05$
→ keine Kopplung