

Genética General. Segundo control. 14 de Mayo de 2009.

Apellidos	Nombre	Firma:
-----------	--------	--------

1/2- En la alubia, los genes A,a B,b y C,c se encuentran estrechamente ligados y determinan tres caracteres distintos. La siguiente tabla indica los fenotipos de una F2 obtenida del cruzamiento entre dos líneas puras que difieren para los tres genes:

Fenotipos F2:	ABC	TOTAL							
Nºobservado:	426	74	84	168	242	5	1	0	1000

Para facilitar el cálculo, las tres tablas siguientes dan los números acumulados por pares de caracteres en esa misma F2:

	A	a		A	a		B	b	
B	500	247	747	510	243	753	668	85	753
	562	185		566	187		562	191	
b	252	1	253	242	5	247	79	168	247
	190	63		186	61		185	62	
	752	248	1000	752	248	1000	747	253	1000

Elabore un mapa genético con los tres genes. (6 puntos)

(los números rojos de las tablas indican los valores esperados si los dos caracteres combinaran independientemente)

-Frecuencia de recombinación entre A y B:

Los individuos de fenotipo ab de la F2 son dobles homocigotos recesivos (aabb), todos ellos procedentes de la unión de gametos ab con gametos ab. Estos individuos aparecen a mucha menor frecuencia de la esperada en el caso de que los dos caracteres combinen independientemente (se esperan 63 y solo se obtiene uno). Esto indica que los gametos ab se producen a una menor frecuencia que la esperada en el caso de independencia (1/4). Deducimos que los gametos ab son de tipo recombinante (el heterocigoto de la F2 está en fase de repulsión Ab/aB) y aparecerán a frecuencia r/2 (r es la frecuencia de recombinación entre A y B). La frecuencia esperada de individuos aabb es (r/2)². Igualando esta frecuencia esperada con la frecuencia observada (1/1000) se obtiene una estima de r:

$$(r/2)^2 = 1/1000 \Rightarrow r = 0,06$$

-Frecuencia de recombinación entre A y C:

Los individuos de fenotipo ac de la F2 son dobles homocigotos recesivos (aacc), todos ellos procedentes de la unión de gametos ac con gametos ac. Estos individuos aparecen a mucha menor frecuencia de la esperada en el caso de que los dos caracteres combinen independientemente (se esperan 61 y solo se obtienen cinco). Esto indica que los gametos ac se producen a una menor frecuencia que la esperada en el caso de independencia (1/4). Deducimos que los gametos ac son de tipo recombinante (el heterocigoto de la F2 está en fase de repulsión Ac/aC) y aparecerán a frecuencia r/2 (r es la frecuencia de recombinación entre A y C). La frecuencia esperada de individuos aacc es (r/2)². Igualando esta frecuencia esperada con la frecuencia observada (5/1000) se obtiene una estima de r:

$$(r/2)^2 = 5/1000 \Rightarrow r = 0,14$$

-Frecuencia de recombinación entre B y C:

Los individuos de fenotipo bc de la F2 son dobles homocigotos recesivos (bbcc), todos ellos procedentes de la unión de gametos bc con gametos bc. Estos individuos aparecen a mucha mayor frecuencia de la esperada en el caso de que los dos caracteres combinen independientemente (se esperan 62 y se obtienen 168). Esto indica que los gametos bc se producen a mayor frecuencia que la esperada en el caso de independencia (1/4). Deducimos que los gametos bc son de tipo parental (el heterocigoto de la F2 está en fase de acoplamiento bc/BC) y aparecerán a frecuencia (1-r)/2 (r es la frecuencia de recombinación entre B y C). La frecuencia esperada de individuos bbcc es ((1-r)/2)². Igualando esta frecuencia esperada con la frecuencia observada (168/1000) se obtiene una estima de r:

$$((1-r)/2)^2 = 168/1000 \Rightarrow r = 0,18$$

Los más distantes son los genes B y C. El mapa sería:

B 6cM A 14cM C
+-----+-----+-----+-----+

(Nota: Existen otros modos de estimar las frecuencias de recombinación y algunos de ellos dan estimas de r mejores que las que aquí se explican)

2/2- Se dispone de la variedad de arroz *Altea*, altamente productiva pero que es sensible a un hongo que reduce drásticamente su rendimiento cuando infecta la planta. Por otro lado se tiene la variedad *Puchi*, de baja productividad pero que es resistente al hongo. La resistencia de una planta se puede probar aplicando sobre sus hojas una disolución de esporas del hongo. La F1 del cruzamiento entre las dos variedades es resistente y en la F2 se obtienen proporciones 3/4 resistentes : 1/4 sensibles.

a) Diseñe un sistema de cruzamientos entre las dos variedades para conseguir una nueva variedad altamente productiva y que sea resistente al hongo (se piensa que un 97% de la variedad *Altea* asegura una alta productividad). (3 puntos)

b) ¿Es válido el cálculo del número de cruzamientos del apartado anterior para cualquier región del genoma? (1 punto)

a) La productividad es un carácter cuantitativo por lo que las diferencias entre las dos variedades se deben probablemente a genes repartidos por el genoma. Por otro lado, los resultados de las F1 y F2 indican que la resistencia al hongo se debe al alelo dominante (R) de un gen único. La transferencia de este gen a la variedad productiva se realiza por retrocruzamientos repetidos con la variedad *Altea*, seleccionando las plantas resistentes para mantener el alelo R. En cada retrocruzamiento se reduce a la mitad la proporción del genoma procedente de la variedad *Puchi*:

Puchi(RR) x *Altea* (rr)

I

I

Hibrido resistente (Rr) x *Altea* (rr)

(1/2 de genoma *Puchi*) I

I

Selección de plantas Rr x *Altea* (rr)

(1/4 de genoma *Puchi*) I

I

Selección de plantas Rr x *Altea* (rr)

(1/8 de genoma *Puchi*) I

I

Y así sucesivamente con fracciones

$(1/2)^n$ de genoma *Puchi*, siendo n el

número de retrocruzamientos.

Si queremos obtener aproximadamente un 97% de genoma *Altea* (equivalente a un 3% de *Puchi*) en la nueva variedad resistente, necesitamos un número de retrocruzamientos n:

$$(1/2)^n = 0.03 \Rightarrow n = 5$$

Los retrocruzamientos y la selección de resistentes producen plantas heterocigotas Rr. Para conseguir que la nueva línea productiva sea homocigota RR es necesario un paso adicional cruzando entre sí las plantas heterocigotas del último retrocruzamiento. Dado que no tenemos marcadores del gen R que nos permitan diferenciar las plantas RR de las que son Rr (ambas son resistentes al hongo), es necesario un cruzamiento prueba (con plantas rr) para seleccionar las plantas RR y establecer una línea productiva completamente resistente (nota: existen otros procedimientos).

b) Los cálculos de la proporción del genoma *Puchi* que permanece en la nueva variedad es válido para regiones del genoma que están en un cromosoma distinto al del gen R o que se encuentran en el mismo cromosoma pero alejadas (frecuencia de recombinación 0,5). Para regiones próximas a la localización del gen R, la fórmula sobreestima la proporción real del genoma procedente de la variedad *Altea*.