

Genética General. Grupos A y B. Segundo parcial. 24 de Enero de 2022.

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

1/4- Se dispone de ocho cepas de Neurospora (nombradas de la **1** a la **8**) que tienen el mismo fenotipo mutante consistente en ramificaciones anómalas de las hifas. Cuando se cruzan con una cepa normal todas las líneas dan descendencia con proporciones fenotípicas 1/2:1/2 (esporas que generan hifas normales : esporas que generan hifas anómalas). Se realizaron pruebas de complementación mediante crecimientos heterocariontes de parejas de cepas mutantes. Los resultados se indican en la tabla: el símbolo **+** indica complementación (recuperación del fenotipo normal en las hifas heterocariontes) y el **-** indica no-complementación.

	2	3	4	5	6	7	8
1	+	+	-	-	+	+	+
2		-	+	+	+	+	+
3			+	+	+	+	+
4				-	+	+	+
5					+	+	+
6						+	-
7							+

- a) Deduzca cuantos genes distintos están probablemente implicados en el conjunto de cepas mutantes y agrupe las cepas que tengan mutado el mismo gen. **(1 punto)**
- b) Prediga las descendencias esperada del cruzamiento de las cepas **1x5** y del cruzamiento **4x6**. **(1 punto)**

a) Hay cuatro grupos de complementación, el 1-4-5, el 2-3 el 6-8 y el 7, por lo que probablemente hay cuatro genes implicados.

b) Las cepas 1 y 5 son mutantes del mismo gen por lo que se espera que toda la descendencia presente hifas anómalas. Las cepas 4 y 6 tienen afectados genes diferentes por lo que darán descendencia 3/4 hifas anómalas : 1/4 hifas normales, si ambos genes no están ligados (que es el caso más probable).

2/4- Se encontró un nuevo mutante de *Drosophila melanogaster* caracterizado por tener truncadas las microquetas de las alas. Los estudios previos indicaron que la mutación causal a es autosómica y recesiva frente al alelo normal A^+ . Se consiguió crear una línea mutante homocigota aa que se cruzó con otra línea pura que presentaba el fenotipo alas curvadas causado por la mutación conocida como curved wings (CW), que es dominante frente al alelo normal cw^+ y que se localiza en el segundo autosoma. Tal como se esperaba, toda la descendencia F1 resultante presentó las quetas normales y las alas curvadas (fenotipo $A^+ CW$). Se cruzaron las hembras de esa F1 con machos de la línea mutante original de quetas truncadas (fenotipo $a cw^+$). Los descendientes de este cruzamiento se presentan en la siguiente tabla:

Fenotipos:	$A^+ CW$	$a cw^+$	$A^+ cw^+$	$a CW$
Frecuencia:	304	311	95	90

Grados de libertad	Probabilidad							
	0.70	0.50	0.30	0.20	0.10	0.05	0.01	0.001
1	0.15	0.46	1.07	1.64	2.71	3.84	6.64	10.83
2	0.71	1.39	2.41	3.22	4.60	5.99	9.21	13.82
3	1.42	2.37	3.66	4.64	6.25	7.82	11.34	16.27

El esquema de la derecha representa las localizaciones de diferentes mutaciones conocidas, incluida *curved wings*, en distancias acumuladas en centimorgans desde un extremo al otro del del segundo autosoma.

- a) Determine si los dos genes están ligados realizando la correspondiente prueba estadística. **(1 punto)**
 b) Calcule la frecuencia de recombinación y marque en el mapa la localización aproximada de la nueva mutación a . **(1 punto)**

a) observados:

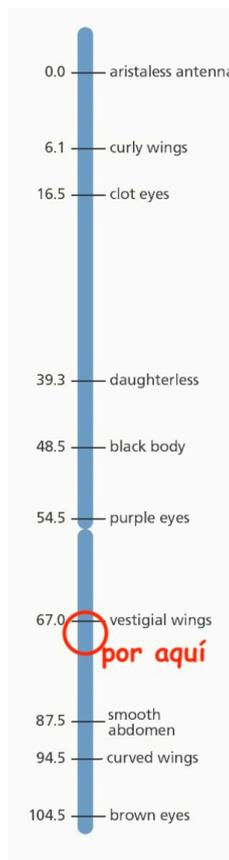
	A^+	a
CW	304	90
cw^+	95	311

esperados bajo la hipótesis de independencia:

	A^+	a
CW	196.5	197.5
cw^+	202.5	203.5

Chi Cuadrado_(1gl) = 231.1 << 3.84_(1gl, 5%). Están ligados.

b) $r = (95+90)/800 = 0.23$ (muy aproximadamente equivalente a 23 cM). Probablemente se encuentre alrededor del círculo indicado dado que *curved wings* está cerca del telómero.

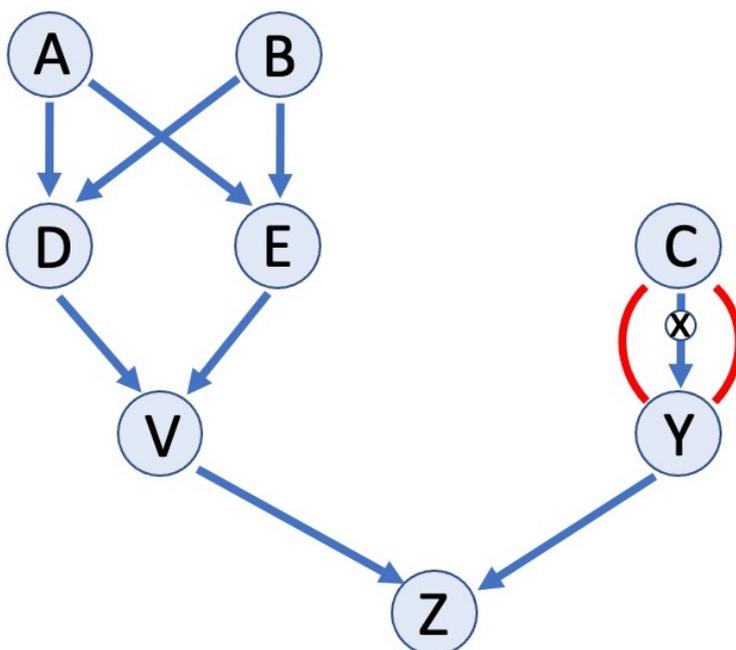


3/4- El alelo recesivo **p** del gen P de *Phaseolus vulgaris* determina el color blanco del tegumento ("piel") de la semilla. El hecho de que sea recesivo y que el tegumento de la semilla en *Phaseolus* sea tejido materno hace con frecuencia difícil la determinación del genotipo de las semillas en algunos cruzamientos. Un mejorador dispone de la línea pura Cornell que tiene semilla coloreada (**PP**) y que posee múltiples cualidades de interés económico. Quiere "cambiar" el color de la semilla de esta variedad al blanco pero manteniendo en lo posible el resto de sus cualidades. Sabe que la línea Cornell es homocigótica para el alelo de **6 repeticiones** de un microsatélite que se encuentra muy próximo al gen P (a menos de 0,01 cM). Dispone también de la línea pura Xana de semillas blancas (**pp**) que es homocigótica para alelo de **9 repeticiones** del mismo microsatélite. Establezca un esquema de cruzamientos y selección para conseguir una línea de semillas blancas con al menos un 90% del genoma de la línea original Cornell. **(2 puntos)**

Cornell x Xana	PP 6/6 x pp 9/9
I	
I	
V	
<u>B1</u> x Cornell	B1 es Pp 6/9 y tiene un 50% de Cornell
I	
I	
V	
<u>B2*</u> x Cornell	Aquí se seleccionan las semillas B2 que heterocigotas 6/9 (B2*) (análisis de PCR) que se espera que sean Pp. Tienen un 75% de Cornell aproximadamente (proporción = $1 - (1/2)^2$).
I	
I	
V	
<u>B3*</u> x Cornell	Aquí se seleccionan semillas B3 heterocigotas 6/9 (B3*) que se espera que sean Pp. Tienen un 87,5% de Cornell aproximadamente (proporción = $1 - (1/2)^3$).
I	
I	
V	
<u>B4*</u>	Aquí se seleccionan semillas B4 heterocigotas 6/9 (B4*) que se espera que sean Pp. Tienen un 93,75% de Cornell aproximadamente (proporción = $1 - (1/2)^4$).
I	
I	
V	
Nueva línea blanca	Se cruzan las plantas B4* seleccionadas entre sí (se espera que sean Pp 6/9) y se selecciona su descendencia 9/9. Si no han habido recombinaciones entre el micro y el gen, esa descendencia será homocigota pp (productora de semillas blancas).

En el cálculo de las proporciones no se ha tenido en cuenta la región genómica adyacente al gen P.

4/4- Calcule los coeficientes de endogamia de los individuos **V**, **Y** y **Z** de la siguiente genealogía y explique el significado de los valores calculados. (nota: una x rodeada por un círculo representa una generación de autofecundación). (2 puntos)



Los padres de V tienen dos antecesores comunes:

$$F_{(V,A)} = (1/2)^3.$$

$$F_{(V,B)} = (1/2)^3.$$

$F_{(V)} = F_{(V,A)} + F_{(V,B)} = (1/2)^2 = 0.25$: el 25% aproximadamente de su genoma será homocigoto idéntico para amplias regiones genómicas presentes en copia única en sus abuelos.

Y es descendiente de autofecundación:

$F_{(Y)} = (1/2)^1$. En el caso de autofecundación, la probabilidad de ser homocigoto idéntico para regiones únicas en el progenitor es 1/2 (mendelismo básico)

Aproximadamente el 50% de su genoma será homocigoto idéntico para amplias regiones genómicas presentes en C.

Los padres de Z no tienen antecesores comunes por lo que su coeficiente de endogamia es 0.