

EJERCICIOS TIPO

“Genética de Poblaciones” (Dinámica)

Migración:

La frecuencia del alelo **R** en la Población I es 0,6 y en la Población II es 0,3. En la población I hay 1600 individuos y se le “agregan” 400 individuos de la Población II.

- a) ¿Cuál será la frecuencia de **r** en la nueva población?
- b) Calcular el cambio en la frecuencia de **r**

Resolución

- a) *Primero calculo las frecuencias alélicas de **r**, en ambas poblaciones*

En la Población I:

$$R = p_1 = 0,6$$

$$r = q_1 = 1 - 0,6 = 0,4$$

$$n = 1600$$

En la Población II:

$$R = p_2 = 0,3$$

$$r = q_2 = 1 - 0,3 = 0,7$$

[Migran de la Poblac. II a la I 400 individuos.]

*-Luego calculo la tasa de migración (**m**)*

$$m = 400 / (1600 + 400) = 0,20$$

*-Calculo la nueva frecuencia alélica de **r**, en la nueva población o Población Combinada (**Pc**) luego de la migración.*

$$q_c = m \cdot q_2 + (1 - m) \cdot q_1; \text{ tal que } q_c \text{ es la frecuencia } q \text{ en la } P_c$$

$$q_c = 0,20 \cdot 0,7 + (1 - 0,20) \cdot 0,4 = 0,14 + 0,32 = \mathbf{0,46}$$

- b) *El cambio en la frecuencia de **r** es Δq*

$$\Delta q = q_c - q_1 = 0,46 - 0,4 = \mathbf{0,06}$$

Observamos que el número de individuos que migran, es decir que se agregan a la población, produce un cambio en las frecuencias génica de la población base.

Selección:

Calcular el cambio de frecuencias alélicas en una generación de selección contra los recesivos, para un locus con dominancia completa, coeficiente de selección $s=0,5$ y considerando las siguientes frecuencias alélicas:

$$p(A)=0,8 \text{ y } q(a)=0,2$$

- a) Compare las frecuencias genotípicas de las dos generaciones.

Resolución

$$s=0,5, \quad p=0,8, \quad q=0,2$$
$$p_1 = (p^2 + pq) / (1 - sq^2) = ((0,8)^2 + 0,8 \times 0,2) / (1 - 0,5 (0,2)^2) = 0,8 / 0,98 = 0,816$$

$$p_1 = 0,82$$

$$q_1 = 1 - 0,8 = 0,18$$

$$\text{Cambio en las frecuencias alélicas: } \Delta p = p_1 - p = 0,82 - 0,8 = 0,02$$

$$\Delta q = q_1 - q = 0,18 - 0,2 = -0,02$$

- b) ¿Qué sucedería si la selección contra los recesivos fuera con un $s=0,2$? Complete el siguiente cuadro y analice los resultados.

El procedimiento es el mismo que el punto a)

$$s=0,2 \quad p_1=0,81 \quad q_1=0,19$$

$$p_1 = (p^2 + pq) / (1 - sq^2) = ((0,8)^2 + 0,8 \times 0,2) / (1 - 0,2 (0,2)^2) = 0,81$$

$$p_1 = 0,81$$

$$q_1 = 1 - 0,8 = 0,19$$

$$\text{Cambio en las frecuencias alélicas: } \Delta p = p_1 - p = 0,81 - 0,8 = 0,01$$

$$\Delta q = q_1 - q = 0,19 - 0,2 = -0,01$$

Cuadro resumen:

Frecuencias genotípicas	Población I		
	Generación 1	Generación 2	
		s=0,5	s=0,2
(p^2) AA	0,64	0,67	0,66
$(2pq)$ Aa	0,32	0,295	0,31
(q^2) aa	0,04	0,032	0,036

Observamos que cuando menor es la presión de selección contra los recesivos ($s=0,2$) menor es el cambio en las frecuencias genotípicas de la población de una generación a la siguiente.

“Genética Cuantitativa”

- 1) Se realizó un estudio del carácter longitud intermodal en 2 variedades de cebada (P1 y P2) y las generaciones F1 y F2 derivadas de su cruzamiento, observándose los siguientes resultados:

P1: $s = 2,61$; P2: $s = 2,36$
F1: $s = 2,25$ F2: $s = 4,76$

- a- Calcular h^2_a

Resolución

Para la resolución de este ejercicio tenemos que tener en cuenta los componentes de la variación fenotípica:

$$VF = VG + VE$$

Las líneas parentales P1 y P2 son líneas puras, ya que la cebada es una especie autógama que se reproduce naturalmente por autofecundación, por lo que no existe variación genotípica dentro de ellas. La variabilidad observada (VF) en estas líneas es atribuible sólo a efectos ambientales, con lo cual $VF = VE$.

En el caso de la F1, tampoco existe variación genotípica, ya que todos los individuos son genéticamente idénticos. Por lo tanto, la variabilidad total observada también se debe sólo a causas ambientales.

De este modo se puede estimar la **varianza ambiental** VE mediante el promedio de la VF de P1, P2 y F1. Es necesario aclarar que si tuviésemos sólo la información de alguna de las poblaciones, por ejemplo sólo de F1, es válido estimar el valor de la varianza ambiental como $VE = VF(F1)$. No obstante si dispusiéramos de la información, tendríamos más exactitud en la estimación con el promedio de las varianzas de las tres poblaciones.

Para ello calculamos la varianza a partir de los correspondientes desvíos estándar:

	s	s^2 (VF)
P1	2,61	6,81
P2	2,36	5,57
F1	2,25	5,06

El promedio de la VF de P1, P2 y F1 será la estimación de la varianza ambiental (VE):

$$VE = (6,81 + 5,57 + 5,06) / 3 = 5,81$$

En F2 la variación fenotípica se atribuye tanto a la variación genotípica como a la ambiental. A partir de la estimación de la VE previamente calculada, podemos despejar la VG en la F2:

$$VG = VF - VE = (4,76)^2 - 5,81 = 16,85$$

Finalmente, en el ejercicio se pide conocer la heredabilidad, es decir la proporción de la varianza observada debida a diferencias genóticas entre los individuos,. Para P1, P2 y F1, la heredabilidad será igual a 0, ya que no existen diferencias genóticas entre los individuos. Para F2, la heredabilidad será:

$$h^2_a = 16,85 / (4,76)^2 = 16,85 / 22,66 = 0,74$$

De esta manera, en F2 el 74% de la variación observada se debe a diferencias genóticas entre los individuos, en ese ambiente determinado.

- a- Calcular el avance genético (ΔG) esperado si seleccionara el 5% ($k=2,06$) de individuos con mayor valor para el carácter en cuestión.**

Resolución

Para calcular el avance genético esperado, utilizamos la siguiente fórmula:

$$\Delta G = k \times s \times h^2$$

siendo k un valor dado por tabla según la presión de selección, es decir, según el porcentaje de individuos que se seleccione; s es el desvío estándar de la F2 y h^2 es la heredabilidad que calculamos en el ítem anterior. En este caso utilizamos la heredabilidad en sentido amplio, pero si tuviéramos la heredabilidad en sentido estricto, esta última nos permite realizar una predicción con mayor exactitud.

$$\Delta G = 2,06 \times 4,76 \times 0,74 = 7,25$$

- a) Si la varianza aditiva es 12,33, calcular la h^2_e .**

$$h^2_e = VA / VF = 12,33 / 22,66 = 0,54$$

Puede observarse que la h^2_e es menor que la h^2_a , ya que tiene en cuenta solo el componente aditivo de la varianza genética

- 2) En Alcaucil (*Cynara scolymus*) el carácter peso seco total de plántula (PST). A partir de una población experimental que presenta una media de PST=560 mg, se selecciona un grupo de plantas con una media de PST=694,3 mg. En la descendencia se observó una media de 612,2 mg. Calcular la heredabilidad realizada (h^2) del carácter.

Resolución

El diferencial de selección (D.S) es la diferencia entre la media de los progenitores seleccionados y la media de la población:

$$D.S. = 694,3 - 560 = 134,3$$

El avance genético logrado ($\Delta G_{\text{logrado}}$) es la diferencia entre la media de la progenie de los progenitores seleccionados y la media de la generación de los progenitores (población original o población base), por lo tanto:

$$\Delta G_{\text{logrado}} = 612,2 - 560 = 52,2$$

La heredabilidad realizada (h^2_r) se calcula entonces como:

$$h^2_r = \Delta G_{\text{logrado}} / D.S. = 52,2 / 134,3 = \mathbf{0,39}$$