

PROYECTO DE LABORATORIO DE GENÉTICA

ANÁLISIS DE LOS GENES *vs*, *w*, *B*
EN LA MOSCA DE LA FRUTA:
Drosophila melanogaster

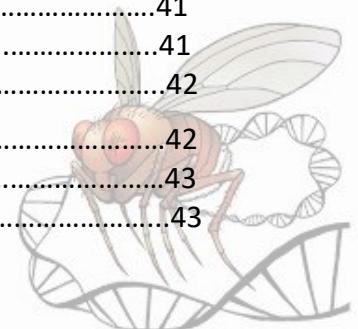
JORGE LEONARDO MEJÍA SÁNCHEZ
MARÍA ALEJANDRA SIERRA GARCÍA
JENNY PAOLA DÍAZ LANDINEZ
ESCUELA DE BIOLOGÍA
UNIVERSIDAD INDUSTRIAL DE SANTANDER

PROYECTO DE LABORATORIO DE GENÉTICA

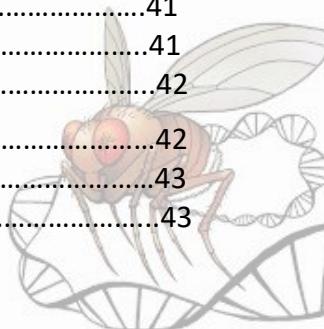
ANÁLISIS DE LOS GENES *vs*, *w*, *B*
EN LA MOSCA DE LA FRUTA:
Drosophila melanogaster

JORGE LEONARDO MEJÍA SÁNCHEZ
MARÍA ALEJANDRA SIERRA GARCÍA
JENNY PAOLA DÍAZ LANDINEZ
ESCUELA DE BIOLOGÍA
UNIVERSIDAD INDUSTRIAL DE SANTANDER

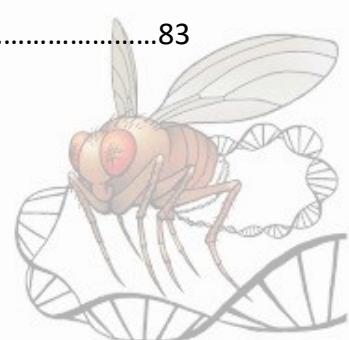
INDICE	Página
Introducción.....	4
Marco teórico	6
Ciclo de vida	7
Diferenciación sexual.....	11
Mutantes en <i>D. melanogaster</i>	12
Vestigial (<i>vg</i>).....	13
White (<i>w</i>).....	15
Bar (<i>B</i>).....	16
Principios mendelianos.....	17
Principio de segregación	17
Cruce monohíbrido <i>vg</i>	17
Principio de la segregación independiente.....	18
Cruce dihíbrido <i>vg xw</i>	18
Modificación de las proporciones mendelianas.....	21
Letalidad.....	24
Herencia ligada a X.....	25
Cruce monohíbrido <i>B</i>	25
Cruce monohíbrido <i>w</i>	27
Epistasis	29
Epistasis recesiva simple.....	29
Epistasis recesiva duplicada	31
Epistasis dominante simple.....	31
Epistasis dominante doble.....	32
Ligamiento genético.....	34
Coeficiente de interferencia y coincidencia.....	34
Probabilidad	37
Pedigree.....	38
Determinación sexual.....	40
Genes de la determinación sexual.....	41
Genes de la compensación de dosis génica.....	41
Variabilidad genética.....	42
Polimorfismo.....	42
Mutaciones somáticas.....	43
Mutaciones génicas.....	43



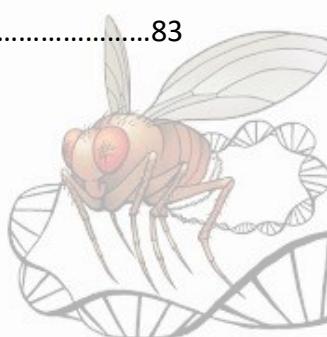
INDICE	Página
Introducción.....	4
Marco teórico	6
Ciclo de vida	7
Diferenciación sexual.....	11
Mutantes en <i>D. melanogaster</i>	12
Vestigial (<i>vg</i>).....	13
White (<i>w</i>).....	15
Bar (<i>B</i>).....	16
Principios mendelianos.....	17
Principio de segregación	17
Cruce monohíbrido <i>vg</i>	17
Principio de la segregación independiente.....	18
Cruce dihíbrido <i>vg xw</i>	18
Modificación de las proporciones mendelianas.....	21
Letalidad.....	24
Herencia ligada a X.....	25
Cruce monohíbrido <i>B</i>	25
Cruce monohíbrido <i>w</i>	27
Epistasis	29
Epistasis recesiva simple.....	29
Epistasis recesiva duplicada	31
Epistasis dominante simple.....	31
Epistasis dominante doble.....	32
Ligamiento genético.....	34
Coeficiente de interferencia y coincidencia.....	34
Probabilidad	37
Pedigree.....	38
Determinación sexual.....	40
Genes de la determinación sexual.....	41
Genes de la compensación de dosis génica.....	41
Variabilidad genética.....	42
Polimorfismo.....	42
Mutaciones somáticas.....	43
Mutaciones génicas.....	43



Mutaciones silenciosas.....	43
Mutaciones sin sentido	43
Mutaciones no sinónimas.....	43
Adición.....	44
Deleción.....	44
Mutaciones cromosomales.....	44
Deleción.....	44
Duplicación.....	44
Inversión.....	44
Translocación.....	44
Mutaciones Genómicas.....	46
Euploidia.....	46
Aneuploidía.....	47
Genética cuantitativa.....	47
Metodología.....	51
Preparación de medio de cultivo de banano.....	53
Obtención de moscas del medio natural.....	54
Diferenciación morfológica de macho y hembra.....	55
Ciclo de vida	56
Obtención de hembras vírgenes	57
Identificación de mutantes.....	58
Identificación de tipo de herencia de <i>vg</i>	59
Proporciones fenotípicas esperadas.....	62
Cronograma de metodología.....	63
Resultados	64
Cruce monohíbrido Silvestre x <i>vg</i>	64
Cruce monohíbrido Silvestre x <i>w</i>	67
Cruce monohíbrido Silvestre x <i>B</i>	71
Cruce dihíbrido <i>w</i> x <i>vg</i>	73
Discusión de resultados.....	77
Conclusiones.....	81
Bibliografía.....	83



Mutaciones silenciosas.....	43
Mutaciones sin sentido	43
Mutaciones no sinónimas.....	43
Adición.....	44
Deleción.....	44
Mutaciones cromosomales.....	44
Deleción.....	44
Duplicación.....	44
Inversión.....	44
Translocación.....	44
Mutaciones Genómicas.....	46
Euploidia.....	46
Aneuploidía.....	47
Genética cuantitativa.....	47
Metodología.....	51
Preparación de medio de cultivo de banano.....	53
Obtención de moscas del medio natural.....	54
Diferenciación morfológica de macho y hembra.....	55
Ciclo de vida	56
Obtención de hembras vírgenes	57
Identificación de mutantes.....	58
Identificación de tipo de herencia de <i>vg</i>	59
Proporciones fenotípicas esperadas.....	62
Cronograma de metodología.....	63
Resultados	64
Cruce monohíbrido Silvestre x <i>vg</i>	64
Cruce monohíbrido Silvestre x <i>w</i>	67
Cruce monohíbrido Silvestre x <i>B</i>	71
Cruce dihíbrido <i>w</i> x <i>vg</i>	73
Discusión de resultados.....	77
Conclusiones.....	81
Bibliografía.....	83

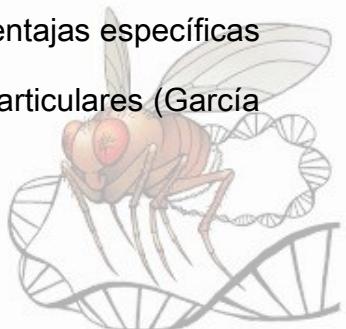


INTRODUCCIÓN

Gregory Mendel, realizó durante una década una serie de experimentos utilizando el guisante *Pisum sativum*. En su trabajo, demostró que los caracteres pasan de padres a hijos de una manera predecible y concluyó que éstos están controlados por unidades hereditarias discretas denominadas genes. Además, concluyó que los genes que controlan un carácter están en parejas, y que cada miembro de la pareja se separa en la formación de gametos. Su trabajo constituye el fundamento de la genética (Klug, 2006).

En el genoma esta la información que define muchas de las características observadas en un individuo. Los organismos sufren algunos cambios en dicha información denominados mutaciones espontáneas que ocurren a frecuencias características para cada organismo en particular. Los individuos mutantes son los que presentan variaciones en el ADN, lo que puede conducir a cambios en el fenotipo con relación a un patrón que es silvestre o no mutante (Matta, 2010).

La investigación genética en un gran número de organismos confirmó que los principios de la herencia que Mendel describió eran de aplicación universal para animales y vegetales (Klug, 2006). La adopción de un organismo especial para el estudio de la genética depende básicamente de las ventajas específicas que este puede ofrecer a la hora de responder a preguntas particulares (García-Herreros, 1984).



INTRODUCCIÓN

Gregory Mendel, realizó durante una década una serie de experimentos utilizando el guisante *Pisum sativum*. En su trabajo, demostró que los caracteres pasan de padres a hijos de una manera predecible y concluyó que éstos están controlados por unidades hereditarias discretas denominadas genes. Además, concluyó que los genes que controlan un carácter están en parejas, y que cada miembro de la pareja se separa en la formación de gametos. Su trabajo constituye el fundamento de la genética (Klug, 2006).

En el genoma esta la información que define muchas de las características observadas en un individuo. Los organismos sufren algunos cambios en dicha información denominados mutaciones espontáneas que ocurren a frecuencias características para cada organismo en particular. Los individuos mutantes son los que presentan variaciones en el ADN, lo que puede conducir a cambios en el fenotipo con relación a un patrón que es silvestre o no mutante (Matta, 2010).

La investigación genética en un gran número de organismos confirmó que los principios de la herencia que Mendel describió eran de aplicación universal para animales y vegetales (Klug, 2006). La adopción de un organismo especial para el estudio de la genética depende básicamente de las ventajas específicas que este puede ofrecer a la hora de responder a preguntas particulares (García-Herreros, 1984).



Los genéticos centraron su atención en un pequeño número de organismos, entre los que se destaca *Drosophila melanogaster*, debido a que presenta ventajas para la investigación en genética: es un organismo fácil de reproducir, con un ciclo biológico relativamente corto y da lugar a muchos descendientes, facilitando el análisis genético (Klug, 2006).

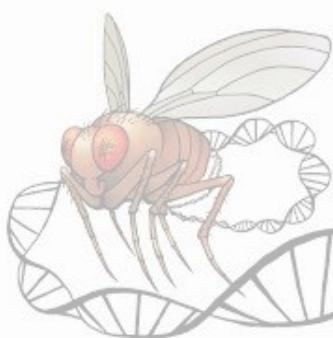
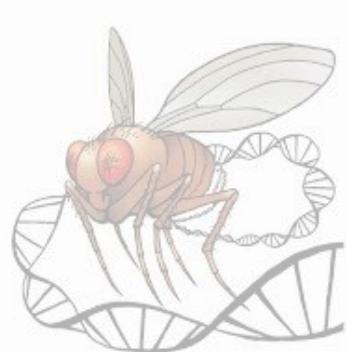
El objetivo de trabajar con *D. melanogaster* es realizar su análisis genético para la comprobación de los postulados de Mendel, esperando obtener resultados similares que permitan rechazar o aceptar la hipótesis de que éstos siguen las probabilidades de expresión genotípica y fenotípica que éste obtuvo en sus experimentos con el guisante e identificar el tipo de herencia que se obtiene de características autosómicas y o las modificaciones que se presentan cuando los genes están ligados al sexo.

La metodología consiste en realizar cruces monohíbridos y dihíbridos de manera directa y recíproca, producto de entrecruzamientos entre cepas tipo silvestre y cepas mutantes (*vg*, *w*, *b*) para conocer el mecanismo de la expresión genética de *D. melanogaster* y el por qué de su uso como organismo modelo.

Los genéticos centraron su atención en un pequeño número de organismos, entre los que se destaca *Drosophila melanogaster*, debido a que presenta ventajas para la investigación en genética: es un organismo fácil de reproducir, con un ciclo biológico relativamente corto y da lugar a muchos descendientes, facilitando el análisis genético (Klug, 2006).

El objetivo de trabajar con *D. melanogaster* es realizar su análisis genético para la comprobación de los postulados de Mendel, esperando obtener resultados similares que permitan rechazar o aceptar la hipótesis de que éstos siguen las probabilidades de expresión genotípica y fenotípica que éste obtuvo en sus experimentos con el guisante e identificar el tipo de herencia que se obtiene de características autosómicas y o las modificaciones que se presentan cuando los genes están ligados al sexo.

La metodología consiste en realizar cruces monohíbridos y dihíbridos de manera directa y recíproca, producto de entrecruzamientos entre cepas tipo silvestre y cepas mutantes (*vg*, *w*, *b*) para conocer el mecanismo de la expresión genética de *D. melanogaster* y el por qué de su uso como organismo modelo.



MARCO TEÓRICO

CARACTERÍSTICAS GENERALES

Drosophila melanogaster es una mosca de tamaño pequeño (3 mm en estado adulto) y también es conocida como la “mosca de la fruta o del vinagre”. Se ha utilizado como organismo experimental en estudios genéticos desde principios del siglo pasado. Ha sido el organismo más utilizado por los genéticos, debido a que presenta grandes ventajas: facilidad de cultivo, tiempo generacional corto (9 a 11 días a 25°C), progenie prolífica -pequeño tamaño-número reducido de cromosomas (Figura 1) ($2n=8$), cromosomas politénicos en glándulas salivales y numerosos mutantes. *Drosophila melanogaster* tiene tres pares de autosomas (cromosomas 2, 3 y 4) y un par de cromosomas sexuales (cromosomas X e Y). La determinación del sexo en este organismo es XX para las hembras y XY para los machos (Calpena, 2008).



Tomado de (Porto, s.f.)

Figura 1. Cariotipo de la mosca *Drosophila melanogaster*.



MARCO TEÓRICO

CARACTERÍSTICAS GENERALES

Drosophila melanogaster es una mosca de tamaño pequeño (3 mm en estado adulto) y también es conocida como la “mosca de la fruta o del vinagre”. Se ha utilizado como organismo experimental en estudios genéticos desde principios del siglo pasado. Ha sido el organismo más utilizado por los genéticos, debido a que presenta grandes ventajas: facilidad de cultivo, tiempo generacional corto (9 a 11 días a 25°C), progenie prolífica -pequeño tamaño-número reducido de cromosomas (Figura 1) ($2n=8$), cromosomas politénicos en glándulas salivales y numerosos mutantes. *Drosophila melanogaster* tiene tres pares de autosomas (cromosomas 2, 3 y 4) y un par de cromosomas sexuales (cromosomas X e Y). La determinación del sexo en este organismo es XX para las hembras y XY para los machos (Calpena, 2008).



Tomado de (Porto, s.f.)

Figura 1. Cariotipo de la mosca *Drosophila melanogaster*.



CICLO DE VIDA

D. melanogaster tiene un ciclo biológico que incluye varios estados: huevo, larva, pupa, imago y por metamorfosis da origen a un adulto (Figura 2). La duración del ciclo de vida es de aproximadamente diez días y varía con la temperatura. La temperatura óptima para el mantenimiento de los medios de cultivo es de 25°C, mientras que a 20°C la duración es de 15 días. La exposición continua a temperaturas superiores a 30°C puede conducir a la esterilización y muerte de las moscas. Así mismo, las bajas temperaturas, inferiores a 20°C hacen decrecer la viabilidad de las moscas y prolongan su ciclo vital (“Development of the Fruit Fly”, (s.f.))

CICLO DE VIDA DE *D. melanogaster*

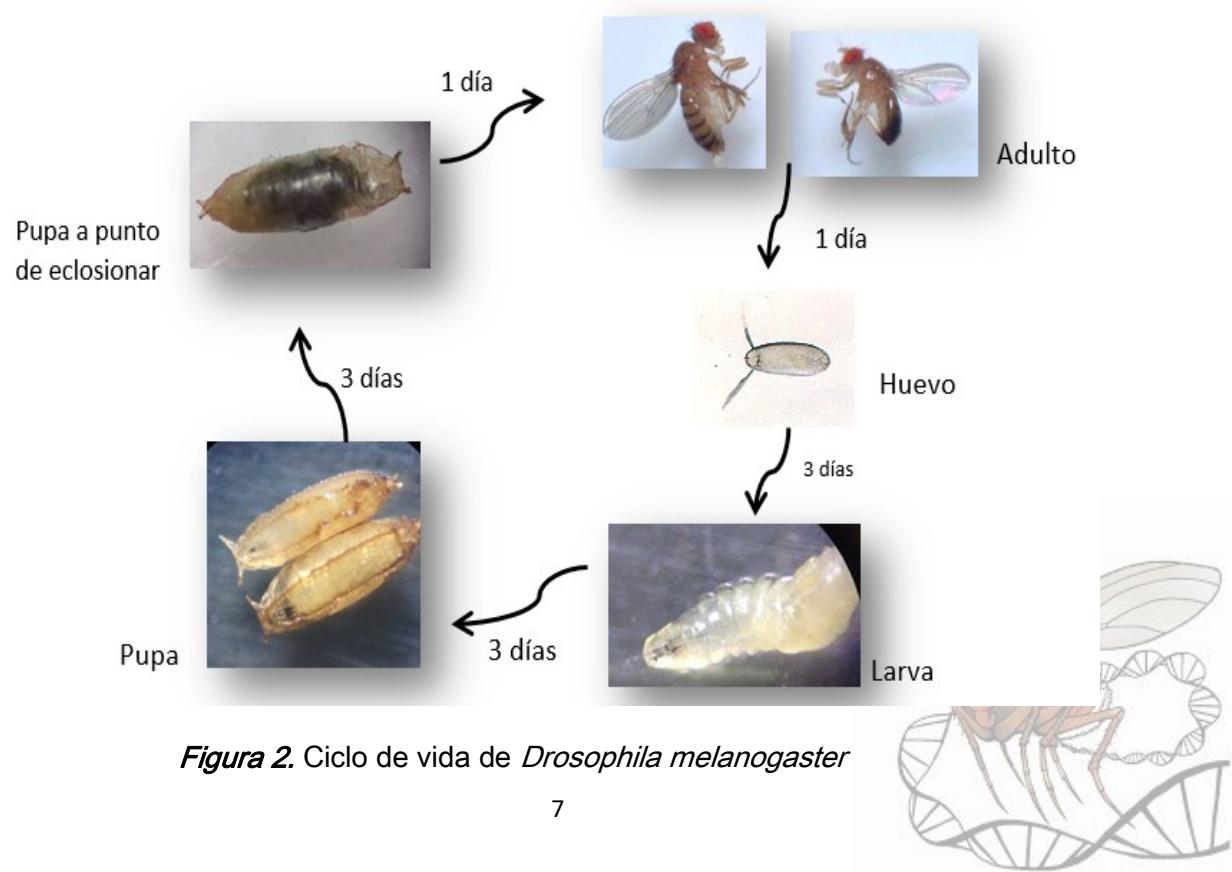


Figura 2. Ciclo de vida de *Drosophila melanogaster*

CICLO DE VIDA

D. melanogaster tiene un ciclo biológico que incluye varios estados: huevo, larva, pupa, imago y por metamorfosis da origen a un adulto (Figura 2). La duración del ciclo de vida es de aproximadamente diez días y varía con la temperatura. La temperatura óptima para el mantenimiento de los medios de cultivo es de 25°C, mientras que a 20°C la duración es de 15 días. La exposición continua a temperaturas superiores a 30°C puede conducir a la esterilización y muerte de las moscas. Así mismo, las bajas temperaturas, inferiores a 20°C hacen decrecer la viabilidad de las moscas y prolongan su ciclo vital (“Development of the Fruit Fly”, (s.f.))

CICLO DE VIDA DE *D. melanogaster*

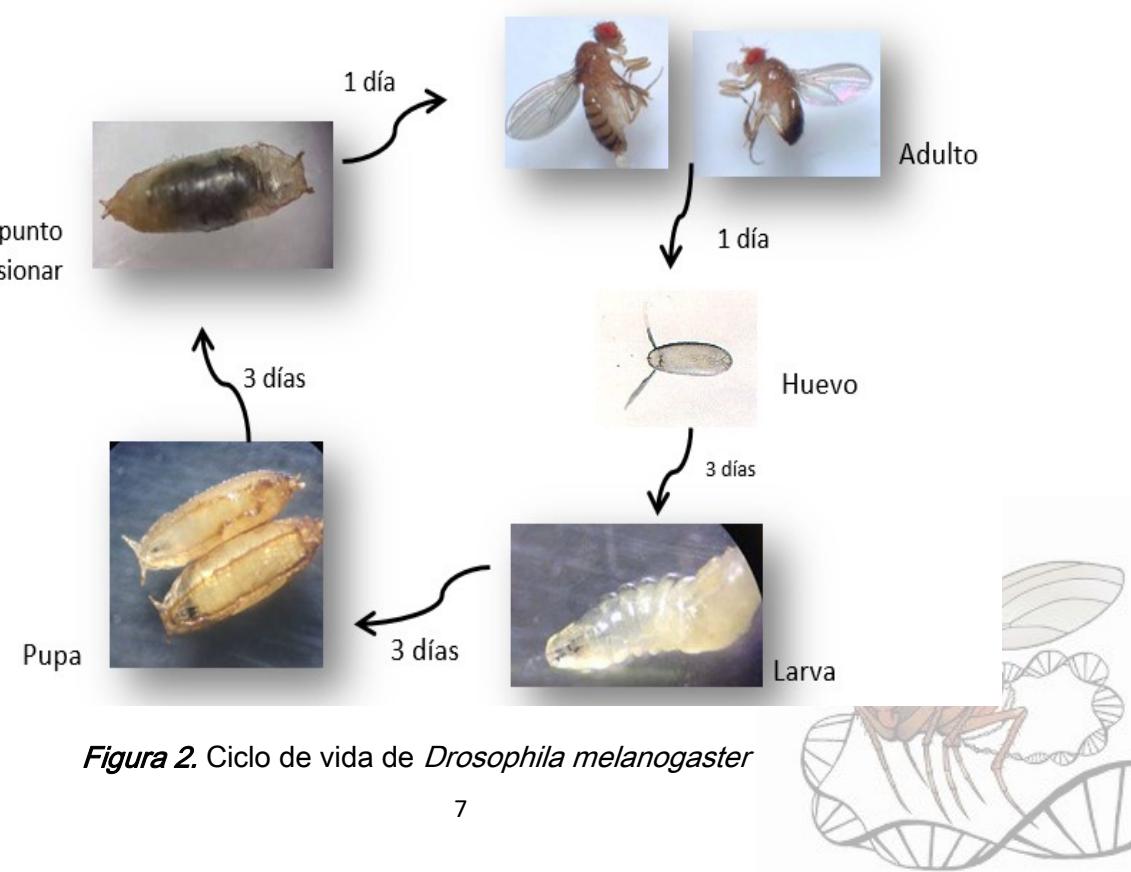


Figura 2. Ciclo de vida de *Drosophila melanogaster*

HUEVO

La fecundación se da dentro del útero a partir de la formación del cigoto. Una hembra empieza a depositar huevos a partir del segundo día de emerger hasta unos 10 días después. El huevo es de forma ovoide cubierto por una fuerte membrana quitinosa. El huevo viene a tener un tamaño de 0.5 mm. En su parte anterior se proyectan dos apéndices en cuyo extremo se encuentran una especie de palas, a modo de remos, cuya función es la de hacer de flotadores para prevenir el hundimiento del huevo en la superficie semilíquida en que son depositados (Figura 3) (Calpena, 2008).



Tomado de Thomas. (s.f.).

Figura 3. Huevo de *D. melanogaster*.

LARVA

La larva es un pequeño gusanillo de gran movilidad, blanco, segmentado, con mandíbulas que alcanza hasta los 4.5 mm. La larva sufre dos mudas hasta llegar a el tamaño adulto, a cada periodo entre muda y muda se le denomina estadio larvario. La larva no cesa de moverse y alimentarse formando unos canalllos característicos por todo el medio de cultivo. La distinción entre los estadios larvarios se puede hacer fijándose tanto en el tamaño de la larva como en el número de piezas mandibulares. El estado larval se extiende aproximadamente 4 días a 25°C (Figura 4) (Calpena, 2008).



HUEVO

La fecundación se da dentro del útero a partir de la formación del cigoto. Una hembra empieza a depositar huevos a partir del segundo día de emerger hasta unos 10 días después. El huevo es de forma ovoide cubierto por una fuerte membrana quitinosa. El huevo viene a tener un tamaño de 0.5 mm. En su parte anterior se proyectan dos apéndices en cuyo extremo se encuentran una especie de palas, a modo de remos, cuya función es la de hacer de flotadores para prevenir el hundimiento del huevo en la superficie semilíquida en que son depositados (Figura 3) (Calpena, 2008).



Tomado de Thomas. (s.f.).

Figura 3. Huevo de *D. melanogaster*.

LARVA

La larva es un pequeño gusanillo de gran movilidad, blanco, segmentado, con mandíbulas que alcanza hasta los 4.5 mm. La larva sufre dos mudas hasta llegar a el tamaño adulto, a cada periodo entre muda y muda se le denomina estadio larvario. La larva no cesa de moverse y alimentarse formando unos canalllos característicos por todo el medio de cultivo. La distinción entre los estadios larvarios se puede hacer fijándose tanto en el tamaño de la larva como en el número de piezas mandibulares. El estado larval se extiende aproximadamente 4 días a 25°C (Figura 4) (Calpena, 2008).





Figura 4. Larva de *Drosophila melanogaster* vista al estereoscopio.

PUPA

La larva en el tercer estadio cambia sus espiráculos por las antenas púpales y un poco después se va inmovilizando y acortando su longitud, la cutícula se oscurece y fortalece formando el puparium. A esta prepupa se le puede considerar también como el cuarto estadio larvario que termina con una muda (ver figura 5A). A partir de entonces comienza el periodo de pupa o crisálida. Las estructuras del adulto que se van adquiriendo van tomando más forma y color conforme avanza el estado de pupa (Figura 5B) (Calpena, 2008).

A.



B.



Figura 5. Pupas de *Drosophila melanogaster* vista al estereoscopio. A. Pupas tempranas B. Pupa tardía.

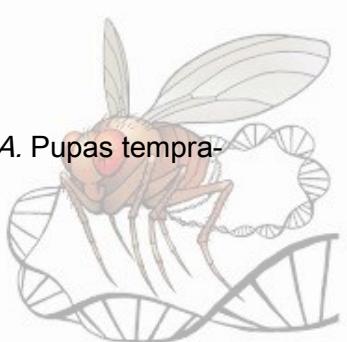


Figura 4. Larva de *Drosophila melanogaster* vista al estereoscopio.

PUPA

La larva en el tercer estadio cambia sus espiráculos por las antenas púpales y un poco después se va inmovilizando y acortando su longitud, la cutícula se oscurece y fortalece formando el puparium. A esta prepupa se le puede considerar también como el cuarto estadio larvario que termina con una muda (ver figura 5A). A partir de entonces comienza el periodo de pupa o crisálida. Las estructuras del adulto que se van adquiriendo van tomando más forma y color conforme avanza el estado de pupa (Figura 5B) (Calpena, 2008).

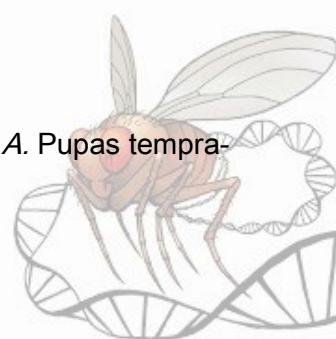
A.



B.



Figura 5. Pupas de *Drosophila melanogaster* vista al estereoscopio. A. Pupas tempranas B. Pupa tardía.



IMAGO

Las transformaciones histológicas dan lugar a un individuo adulto, pero sexualmente inmaduro, llamado imago. Si el medio en el que se desarrolla el animal está a 25°C, entre el cuarto y quinto día de la vida pupal se rasga el puparium y surge el imago. La *Drosophila* recién emergida es muy clara y tiene las alas sin desplegar. Una hora más tarde despliega las alas y a las 12 horas ya tiene su pigmentación normal de adulto (Figura 6) (Calpena, 2008).



Figura 6. Imago de *Drosophila melanogaster*.

IMAGO

Las transformaciones histológicas dan lugar a un individuo adulto, pero sexualmente inmaduro, llamado imago. Si el medio en el que se desarrolla el animal está a 25°C, entre el cuarto y quinto día de la vida pupal se rasga el puparium y surge el imago. La *Drosophila* recién emergida es muy clara y tiene las alas sin desplegar. Una hora más tarde despliega las alas y a las 12 horas ya tiene su pigmentación normal de adulto (Figura 6) (Calpena, 2008).



Figura 6. Imago de *Drosophila melanogaster*.

ADULTO

El adulto es el estadio reproductivo del ciclo. Los adultos serán sexualmente maduros después de seis horas de emerger del pupario. En los machos, la formación tiene lugar en los testículos. Las cuatro células derivadas de la meiosis de una célula madre son gametos viables. En las hembras la célula madre de los gametos femeninos se divide en 16 células, de las cuales sólo una experimenta meiosis, las otras se convierten en células nutritivas (Figura 7) (Calpena, 2008).



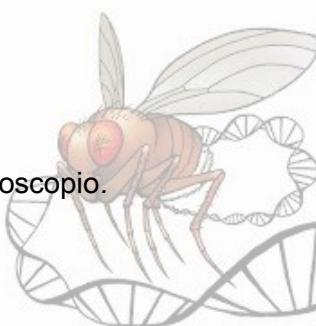
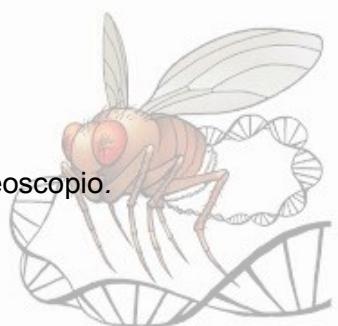
Figura 7. Adultos de *Drosophila melanogaster* vista al estereoscopio.

ADULTO

El adulto es el estadio reproductivo del ciclo. Los adultos serán sexualmente maduros después de seis horas de emerger del pupario. En los machos, la formación tiene lugar en los testículos. Las cuatro células derivadas de la meiosis de una célula madre son gametos viables. En las hembras la célula madre de los gametos femeninos se divide en 16 células, de las cuales sólo una experimenta meiosis, las otras se convierten en células nutritivas (Figura 7) (Calpena, 2008).

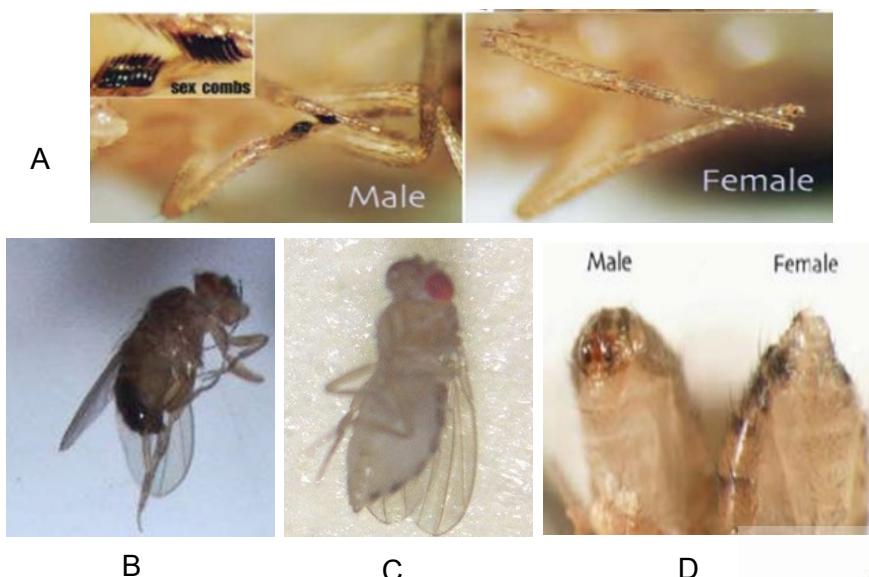


Figura 7. Adultos de *Drosophila melanogaster* vista al estereoscopio.



DIFERENCIACIÓN SEXUAL

Para distinguir los dos性es hay que tener en cuenta diferentes características. En primer lugar, en los machos se observa el peine sexual que consiste en diez cerdas gruesas en la superficie de una de las partes de las patas anteriores (ver Figura 8A). (FALTAN PEINES) En segundo lugar, la pigmentación de la zona dorsal del extremo del abdomen es diferente en machos y hembras: en los machos forma una mancha negra continua sobre los segmentos terminales del abdomen (Figura 8B). Además, el abdomen de los machos es redondeado y presenta sólo 5 segmentos, mientras que el de las hembras es más puntiagudo y presenta 7 segmentos (Figura 8C). Finalmente, los machos son algo más pequeños. En las hembras podemos ver una placa genital de color claro, mientras que los machos tienen una estructura oscura llamada arco genital.



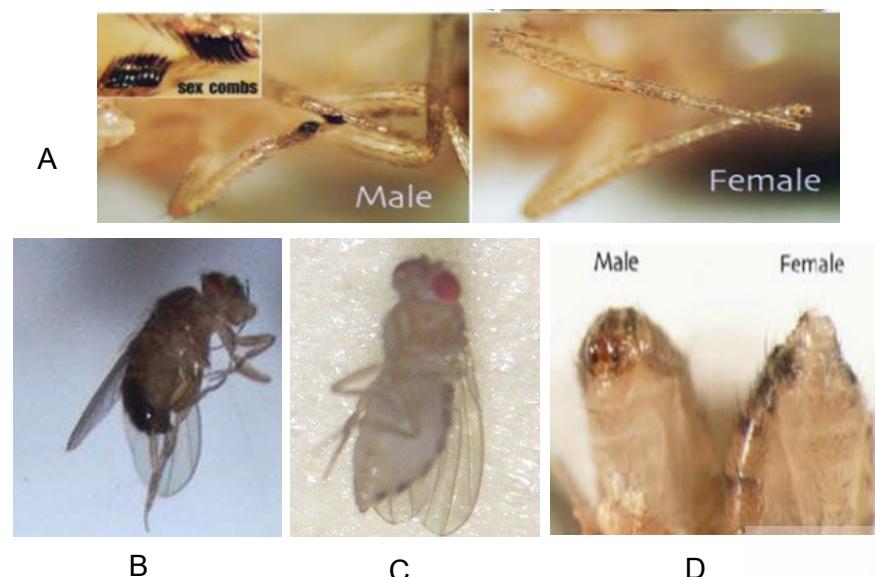
(Imágenes A y D) Tomado de Zzapia, M. (2012).

Figura 8. Diferenciación sexual en las moscas *Drosophila melanogaster*. A. Peines sexuales en os machos. B. Mancha negra al final de la cola de los machos. C. Cola de forma puntiaguda de las hembras. D. Aparatos genitales del macho y la hembra.



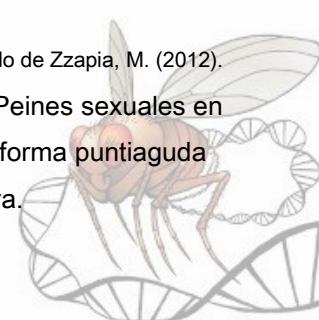
DIFERENCIACIÓN SEXUAL

Para distinguir los dos性es hay que tener en cuenta diferentes características. En primer lugar, en los machos se observa el peine sexual que consiste en diez cerdas gruesas en la superficie de una de las partes de las patas anteriores (ver Figura 8A). (FALTAN PEINES) En segundo lugar, la pigmentación de la zona dorsal del extremo del abdomen es diferente en machos y hembras: en los machos forma una mancha negra continua sobre los segmentos terminales del abdomen (Figura 8B). Además, el abdomen de los machos es redondeado y presenta sólo 5 segmentos, mientras que el de las hembras es más puntiagudo y presenta 7 segmentos (Figura 8C). Finalmente, los machos son algo más pequeños. En las hembras podemos ver una placa genital de color claro, mientras que los machos tienen una estructura oscura llamada arco genital.



(Imágenes A y D) Tomado de Zzapia, M. (2012).

Figura 8. Diferenciación sexual en las moscas *Drosophila melanogaster*. A. Peines sexuales en os machos. B. Mancha negra al final de la cola de los machos. C. Cola de forma puntiaguda de las hembras. D. Aparatos genitales del macho y la hembra.



MUTANTES DE *Drosophila melanogaster*

Las mutaciones son cambios puntuales de una secuencia de ADN, de un segmento de ADN, de un segmento cromosómico o incluso en todo o en gran parte del genoma de un organismo. Estas mutaciones pueden tener un efecto, o no, en las características fenotípicas del ser que las presenta. Esto depende básicamente del gen o región cromosómica en particular donde ocurrió la mutación y de la magnitud del cambio, llegando a tener un efecto deletéreo, letal, neutral o ventajoso. Muchas de estas mutaciones se dan de manera espontánea debido a errores que se presentan en alguno de los pasos de los procesos de replicación o de recombinación de la cadena de ADN. Sin embargo, muchas otras mutaciones pueden ser inducidas en el laboratorio a través de elementos mutagénicos (Matta, 2010).

Desde las primeras investigaciones de Thomas Morgan (1925), en las cuales describió 61 mutaciones, hasta la descripción de aproximadamente 4000 genes y 9000 arreglos cromosómicos por Lindsley (1985), es posible hacerse una idea de cómo el conocimiento de esta especie se ha incrementado y qué tan extenso es (Matta, 2010). A continuación se presentan las características más relevantes del grupo de mutantes referidos para este proyecto.



MUTANTES DE *Drosophila melanogaster*

Las mutaciones son cambios puntuales de una secuencia de ADN, de un segmento de ADN, de un segmento cromosómico o incluso en todo o en gran parte del genoma de un organismo. Estas mutaciones pueden tener un efecto, o no, en las características fenotípicas del ser que las presenta. Esto depende básicamente del gen o región cromosómica en particular donde ocurrió la mutación y de la magnitud del cambio, llegando a tener un efecto deletéreo, letal, neutral o ventajoso. Muchas de estas mutaciones se dan de manera espontánea debido a errores que se presentan en alguno de los pasos de los procesos de replicación o de recombinación de la cadena de ADN. Sin embargo, muchas otras mutaciones pueden ser inducidas en el laboratorio a través de elementos mutagénicos (Matta, 2010).

Desde las primeras investigaciones de Thomas Morgan (1925), en las cuales describió 61 mutaciones, hasta la descripción de aproximadamente 4000 genes y 9000 arreglos cromosómicos por Lindsley (1985), es posible hacerse una idea de cómo el conocimiento de esta especie se ha incrementado y qué tan extenso es (Matta, 2010). A continuación se presentan las características más relevantes del grupo de mutantes referidos para este proyecto.



VESTIGIAL

Los mutantes Vestigial (Tabla 1) presentan alas y halterios reducidos a vestigios y por lo general las alas se mantienen en ángulo recto con respecto al cuerpo. Algunos mutantes presentan alas estrechas, con muescas o festoneadas. Las cerdas post-cutelares frecuentemente se mantienen erectas.

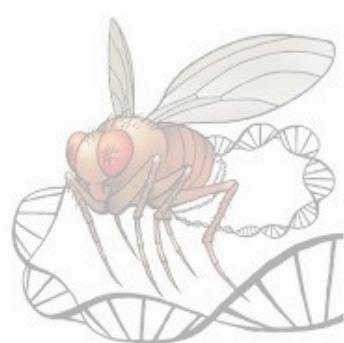
Tabla 1. Fenotipo mutante *vestigial* (Imagen 1)

Símbolo: <i>vg</i>	Nombre completo: <i>vestigial</i>
Brazo del cromosoma: 2R	Número de alelos: 396
Localización citogenética: 49E1	Descubierto por: Morgan y Bridges (1919)
Origen: espontáneo	Clase de fenotipo: visible, recesivo

La viabilidad es reducida. Una temperatura superior a los 28 °C incrementa considerablemente el tamaño del ala. Los mutantes son recesivos viables (con o sin fenotipo visible), recesivo letal o dominante con fenotipo visible.



Imagen 1. VESTIGIAL (*vg*)



VESTIGIAL

Los mutantes Vestigial (Tabla 1) presentan alas y halterios reducidos a vestigios y por lo general las alas se mantienen en ángulo recto con respecto al cuerpo. Algunos mutantes presentan alas estrechas, con muescas o festoneadas. Las cerdas post-cutelares frecuentemente se mantienen erectas.

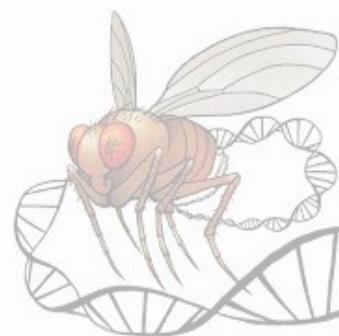
Tabla 1. Fenotipo mutante *vestigial* (Imagen 1)

Símbolo: <i>vg</i>	Nombre completo: <i>vestigial</i>
Brazo del cromosoma: 2R	Número de alelos: 396
Localización citogenética: 49E1	Descubierto por: Morgan y Bridges (1919)
Origen: espontáneo	Clase de fenotipo: visible, recesivo

La viabilidad es reducida. Una temperatura superior a los 28 °C incrementa considerablemente el tamaño del ala. Los mutantes son recesivos viables (con o sin fenotipo visible), recesivo letal o dominante con fenotipo visible.



Imagen 1. VESTIGIAL (*vg*)



Estos fenotipos se producen gracias a que algunos alelos se complementan entre ellos y otros presentan efectos pleiotrópicos. Un supresor de *vg* en el tercer cromosoma, su (*vg*), resulta en un fenotipo casi normal a 28°C, un fenotipo *vg* intermedio a 25°C y un fenotipo *vg* fuerte (en alas y especialmente halterios) bajo los 20°C.

El gen actúa en la etapa larval y produce la reducción del tamaño del ala en la posición de la línea del disco imaginal, que es el engrosamiento de la pared cutelar que da origen al ala, lo que provoca el despliegue defectuoso del ala (Matta, 2010)

WHITE

White fue el primer mutante encontrado en *D. melanogaster*. El gen codifica para un precursor transportador de pigmentos del ojo que es expresado en el adulto. El gen *White* (Tabla 2) está involucrado en la producción y distribución de los pigmentos omocromo—café— y pteridina –rojo-, que se encuentran en los ojos compuestos y ocelos de las moscas adultas.

Tabla 2. Fenotipo mutante *white* (Imagen 2)

Símbolo: w	Nombre completo: White
Brazo del cromosoma: X	Número de alelos: 1587
Localización citogenética: 3B6	Descubierto por: Morgan, 1910
Origen: espontáneo	Clase de fenotipo: visible, recesivo y ligado al sexo



Estos fenotipos se producen gracias a que algunos alelos se complementan entre ellos y otros presentan efectos pleiotrópicos. Un supresor de *vg* en el tercer cromosoma, su (*vg*), resulta en un fenotipo casi normal a 28°C, un fenotipo *vg* intermedio a 25°C y un fenotipo *vg* fuerte (en alas y especialmente halterios) bajo los 20°C.

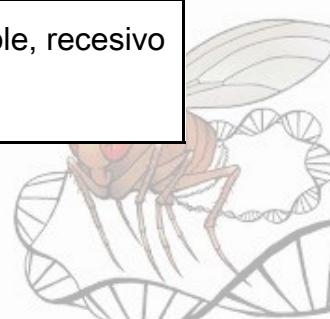
El gen actúa en la etapa larval y produce la reducción del tamaño del ala en la posición de la línea del disco imaginal, que es el engrosamiento de la pared cutelar que da origen al ala, lo que provoca el despliegue defectuoso del ala (Matta, 2010)

WHITE

White fue el primer mutante encontrado en *D. melanogaster*. El gen codifica para un precursor transportador de pigmentos del ojo que es expresado en el adulto. El gen *White* (Tabla 2) está involucrado en la producción y distribución de los pigmentos omocromo—café— y pteridina –rojo-, que se encuentran en los ojos compuestos y ocelos de las moscas adultas.

Tabla 2. Fenotipo mutante *white* (Imagen 2)

Símbolo: w	Nombre completo: White
Brazo del cromosoma: X	Número de alelos: 1587
Localización citogenética: 3B6	Descubierto por: Morgan, 1910
Origen: espontáneo	Clase de fenotipo: visible, recesivo y ligado al sexo

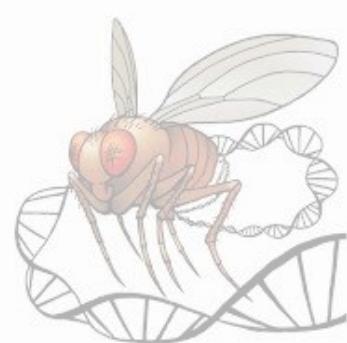


Los alelos mutantes del gen *w* no afectan considerablemente la viabilidad y la fertilidad de las moscas. Alelos *w* extremos, tanto como deficiencias en *w*, suprimen ambos pigmentos (el café y el rojo), el alelo *w* tiene muy poca o nada de pteridina; insoxantopterina se presenta en cantidades considerables durante el estado pupal, pero es eliminado durante los tres primeros días de la vida adulta. Alelos intermedios *w* se manifiestan con una pérdida parcial de los omocromos y pteridinas; algunos alelos además afectan la distribución de estos pigmentos en el ojo compuesto.

Alelos del tipo silvestre son dominantes incompletos sobre los alelos mutantes, heterocigotos *w/w⁺*, aunque son visiblemente indistinguibles de *w^{+/+}/w^{+/+}*, tienen menos pigmento rojo (Matta, 2010).



Imagen 2. WHITE (*w*)



Los alelos mutantes del gen *w* no afectan considerablemente la viabilidad y la fertilidad de las moscas. Alelos *w* extremos, tanto como deficiencias en *w*, suprimen ambos pigmentos (el café y el rojo), el alelo *w* tiene muy poca o nada de pteridina; insoxantopterina se presenta en cantidades considerables durante el estado pupal, pero es eliminado durante los tres primeros días de la vida adulta. Alelos intermedios *w* se manifiestan con una pérdida parcial de los omocromos y pteridinas; algunos alelos además afectan la distribución de estos pigmentos en el ojo compuesto.

Alelos del tipo silvestre son dominantes incompletos sobre los alelos mutantes, heterocigotos *w/w⁺*, aunque son visiblemente indistinguibles de *w^{+/+}/w^{+/+}*, tienen menos pigmento rojo (Matta, 2010).



Imagen 2. WHITE (*w*)



BAR

El gen *Bar* (Tabla 3) se caracteriza por expresar ojos restringidos a una estrecha *Barra* vertical de alrededor de 90 facetas en los machos y 70 facetas en las hembras, contrastado con el número normal de cerca de 740 para machos y 780 para hembras. Las hembras homocigotas son totalmente viables. Hembras *B/B⁺* tienen cerca de 360 facetas y presentan indentación terminando en una fisura horizontal en el margen anterior del ojo, produciendo un ojo de forma de riñón. *B/B* y *B/B⁺* se diferencian completamente del tipo silvestre.

Tabla 3. Fenotipo mutante *white* (Imagen 3)

Símbolo: B	Nombre completo: Bar
Brazo del cromosoma: X	Número de alelos: 71
Localización citogenética: 16A+	Descubierto por: Tice, 1913
Origen: espontáneo	Clase de fenotipo: visible, dominante y ligado al sexo

Imagen 3. BAR (B)



BAR

El gen *Bar* (Tabla 3) se caracteriza por expresar ojos restringidos a una estrecha *Barra* vertical de alrededor de 90 facetas en los machos y 70 facetas en las hembras, contrastado con el número normal de cerca de 740 para machos y 780 para hembras. Las hembras homocigotas son totalmente viables. Hembras *B/B⁺* tienen cerca de 360 facetas y presentan indentación terminando en una fisura horizontal en el margen anterior del ojo, produciendo un ojo de forma de riñón. *B/B* y *B/B⁺* se diferencian completamente del tipo silvestre.

Tabla 3. Fenotipo mutante *white* (Imagen 3)

Símbolo: B	Nombre completo: Bar
Brazo del cromosoma: X	Número de alelos: 71
Localización citogenética: 16A+	Descubierto por: Tice, 1913
Origen: espontáneo	Clase de fenotipo: visible, dominante y ligado al sexo

Imagen 3. BAR (B)



PRINCIPIOS MENDELIANOS

Principio de segregación

El Principio de la Segregación o Primera Ley de Mendel, los organismos portan dos factores (alelos) por cada carácter, teniendo cada generación un par de los mismos, propone la separación de los factores apareados durante la formación de los gametos (Raisman and González, 2006).

Cruce monohíbrido

En un cruce monohíbrido se cruzan sólo 2 alelos (variantes) de un mismo gen, como por ejemplo el gen que codifica para el color de los ojos (Rivera, s.f.).

Ejemplo: Cruce monohíbrido entre individuo silvestre (+) y mutante vestigial (*vg*) de *D. melanogaster*. Obtención de F1 y F2 de forma directa y recíproca.

CRUCE MONOHÍBRIDO

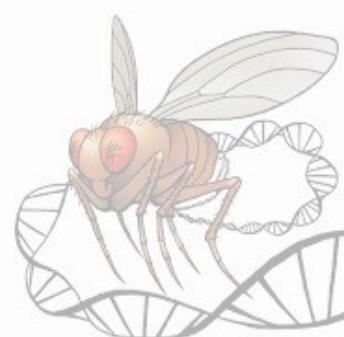
Parentales: Silvestre (+) X Vestigial (*vg*)

Cruce directo: ♀ *vg/vg* x ♂ *vg⁺/vg⁺*

F1

♂/♀	<i>Vg</i>	<i>vg</i>
<i>vg⁺</i>	<i>vg⁺/vg</i>	<i>vg⁺/vg</i>
<i>vg⁺</i>	<i>vg⁺/vg</i>	<i>vg⁺/vg</i>

→ 100% *vg⁺/vg* Fenotipo Silvestre



PRINCIPIOS MENDELIANOS

Principio de segregación

El Principio de la Segregación o Primera Ley de Mendel, los organismos portan dos factores (alelos) por cada carácter, teniendo cada generación un par de los mismos, propone la separación de los factores apareados durante la formación de los gametos (Raisman and González, 2006).

Cruce monohíbrido

En un cruce monohíbrido se cruzan sólo 2 alelos (variantes) de un mismo gen, como por ejemplo el gen que codifica para el color de los ojos (Rivera, s.f.).

Ejemplo: Cruce monohíbrido entre individuo silvestre (+) y mutante vestigial (*vg*) de *D. melanogaster*. Obtención de F1 y F2 de forma directa y recíproca.

CRUCE MONOHÍBRIDO

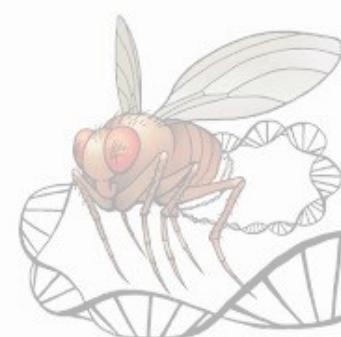
Parentales: Silvestre (+) X Vestigial (*vg*)

Cruce directo: ♀ *vg/vg* x ♂ *vg⁺/vg⁺*

F1

♂/♀	<i>Vg</i>	<i>vg</i>
<i>vg⁺</i>	<i>vg⁺/vg</i>	<i>vg⁺/vg</i>
<i>vg⁺</i>	<i>vg⁺/vg</i>	<i>vg⁺/vg</i>

→ 100% *vg⁺/vg* Fenotipo Silvestre



$\text{♀ } vg^+/vg \times \text{♂ } vg^+/vg$

F2

$\sigma/\text{♀}$	vg^+	Vg
vg^+	vg^+/vg^+	vg^+/vg
vg	vg^+/vg	vg/vg

$\text{♀ } vg^+/vg \times \text{♂ } vg^+/vg$

F2

$\sigma/\text{♀}$	vg^+	Vg
vg^+	vg^+/vg^+	vg^+/vg
vg	vg^+/vg	vg/vg

Fenotipos



Fenotipos



Las proporciones de $\frac{3}{4}$ y $\frac{1}{4}$ en la generación F2, se explican mediante la propuesta de Mendel sobre la existencia de factores dominantes y recesivos. De esta manera los factores recesivos no se observaban en la generación F1, puesto que el factor dominante imponía su expresión sobre el segundo. La aparición del carácter recesivo, en este caso las alas mutadas *how*, ocurre en menor proporción, pues es necesario que el gen exista en doble dosis (homocigoto) para que pueda expresarse. Las proporciones genéticas, expresadas como probabilidades, están sujetas a desviación por azar y pueden evaluarse usando análisis estadísticos (Matta, 2010).



Las proporciones de $\frac{3}{4}$ y $\frac{1}{4}$ en la generación F2, se explican mediante la propuesta de Mendel sobre la existencia de factores dominantes y recesivos. De esta manera los factores recesivos no se observaban en la generación F1, puesto que el factor dominante imponía su expresión sobre el segundo. La aparición del carácter recesivo, en este caso las alas mutadas *how*, ocurre en menor proporción, pues es necesario que el gen exista en doble dosis (homocigoto) para que pueda expresarse. Las proporciones genéticas, expresadas como probabilidades, están sujetas a desviación por azar y pueden evaluarse usando análisis estadísticos (Matta, 2010).



Cruce recíproco: ♀ vg^t/vg^t x ♂ vg/vg

F1

♂/♀	vg^t	vg^t
vg	vg^t/vg	vg^t/vg
vg	vg^t/vg	vg^t/vg

→ 100% vg^t/vg Fenotipo Silvestre

♀ vg^t/vg x ♂ vg^t/vg

F2

♂/♀	vg^t	vg
vg^t	vg^t/vg^t	vg^t/vg
vg	vg^t/vg	vg/vg

Fenotipos



Principio de segregación independiente

Durante la formación de células sexuales, las parejas de cromosomas no homólogos se separan, una independientemente de la otra; es decir que las características ubicadas sobre cromosomas no homólogos tendrían la libertad de ser segregados a uno u otro gameto de manera independiente de otra característica. Para demostrarlo, se realizará un cruce entre individuos dihíbridos (Matta, 2010).



Cruce recíproco: ♀ vg^t/vg^t x ♂ vg/vg

F1

♂/♀	vg^t	vg^t
vg	vg^t/vg	vg^t/vg
vg	vg^t/vg	vg^t/vg

→ 100% vg^t/vg Fenotipo Silvestre

♀ vg^t/vg x ♂ vg^t/vg

F2

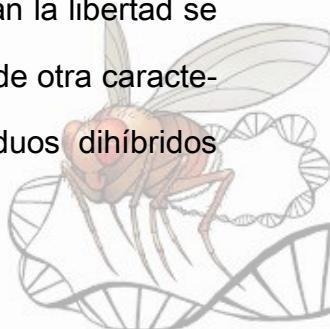
♂/♀	vg^t	vg
vg^t	vg^t/vg^t	vg^t/vg
vg	vg^t/vg	vg/vg

Fenotipos



Principio de segregación independiente

Durante la formación de células sexuales, las parejas de cromosomas no homólogos se separan, una independientemente de la otra; es decir que las características ubicadas sobre cromosomas no homólogos tendrían la libertad de ser segregados a uno u otro gameto de manera independiente de otra característica. Para demostrarlo, se realizará un cruce entre individuos dihíbridos (Matta, 2010).



Cruce Dihíbrido

Este cruce se estudian individuos que se diferencian en dos características separadas en un mismo cruce, debido a dos alelos distintos en cada locus (Rivera, s.f.).

Ejemplo: Cruce dihíbrido entre individuos mutantes *white* (*w*) y *vestigial* (*vg*) de *D. melanogaster*. Obtención de F1 y F2 de forma directa y recíproca

CRUCE DIHÍBRIDO: Vestigial (*vg*) x White (*w*)

Cruce directo: $\text{♀ } X^w vg^+ / X^w vg^+ \times \text{♂ } X^{w+} vg / Y vg$

F1

♂/♀	$X^w vg^+$	$X^w vg^+$
$X^{w+} vg$	$X^w vg^+ / X^{w+} vg$	$X^w vg^+ / X^w vg$
$Y vg$	$X^w vg^+ / Y vg$	$X^w vg^+ / Y vg$

Hembras: $\frac{1}{2} X^w vg^+ / X^{w+} vg$ Silvestre, alas normales

Machos: $\frac{1}{2} X^w vg^+ / Y vg$ White, alas normales

$\text{♀ } X^w vg^+ / X^{w+} vg \times \text{♂ } X^{w+} vg^+ / Y vg$

F2

$X^w X^{w+} \times X^w Y$

♂/♀	X^w	X^{w+}
X^w	$X^w X^w$	$X^{w+} X^w$
Y	$X^w Y$	$X^{w+} Y$

Hembras:

$X^w X^w \frac{1}{4}$ White

$X^{w+} X^w \frac{1}{4}$ Silvestre

Machos:

$X^w Y \frac{1}{4}$ White

$X^{w+} Y \frac{1}{4}$ Silvestre



Cruce Dihíbrido

Este cruce se estudian individuos que se diferencian en dos características separadas en un mismo cruce, debido a dos alelos distintos en cada locus (Rivera, s.f.).

Ejemplo: Cruce dihíbrido entre individuos mutantes *white* (*w*) y *vestigial* (*vg*) de *D. melanogaster*. Obtención de F1 y F2 de forma directa y recíproca

CRUCE DIHÍBRIDO: Vestigial (*vg*) x White (*w*)

Cruce directo: $\text{♀ } X^w vg^+ / X^w vg^+ \times \text{♂ } X^{w+} vg / Y vg$

F1

♂/♀	$X^w vg^+$	$X^w vg^+$
$X^{w+} vg$	$X^w vg^+ / X^{w+} vg$	$X^w vg^+ / X^w vg$
$Y vg$	$X^w vg^+ / Y vg$	$X^w vg^+ / Y vg$

Hembras: $\frac{1}{2} X^w vg^+ / X^{w+} vg$ Silvestre, alas normales

Machos: $\frac{1}{2} X^w vg^+ / Y vg$ White, alas normales

$\text{♀ } X^w vg^+ / X^{w+} vg \times \text{♂ } X^{w+} vg^+ / Y vg$

Hembras:

$X^w X^w \frac{1}{4}$ White

$X^{w+} X^w \frac{1}{4}$ Silvestre

Machos:

$X^w Y \frac{1}{4}$ White

$X^{w+} Y \frac{1}{4}$ Silvestre



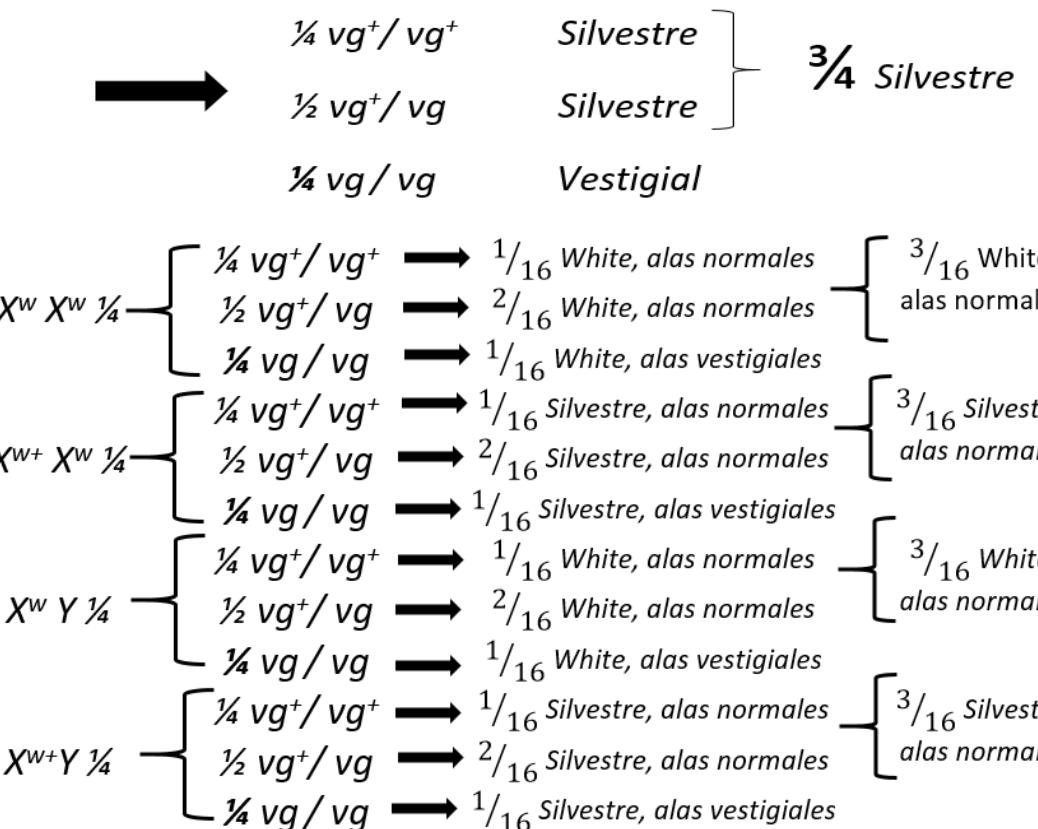
$\text{♀ } vg^+ vg \times \text{♂ } vg^+ vg$

σ/φ	vg^+	Vg
vg^+	vg^+/vg^+	vg^+/vg
vg	vg^+/vg	vg/vg

$\text{♀ } vg^+ vg \times \text{♂ } vg^+ vg$

σ/φ	vg^+	Vg
vg^+	vg^+/vg^+	vg^+/vg
vg	vg^+/vg	vg/vg

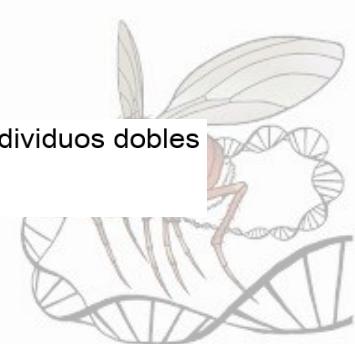
Fenotipos



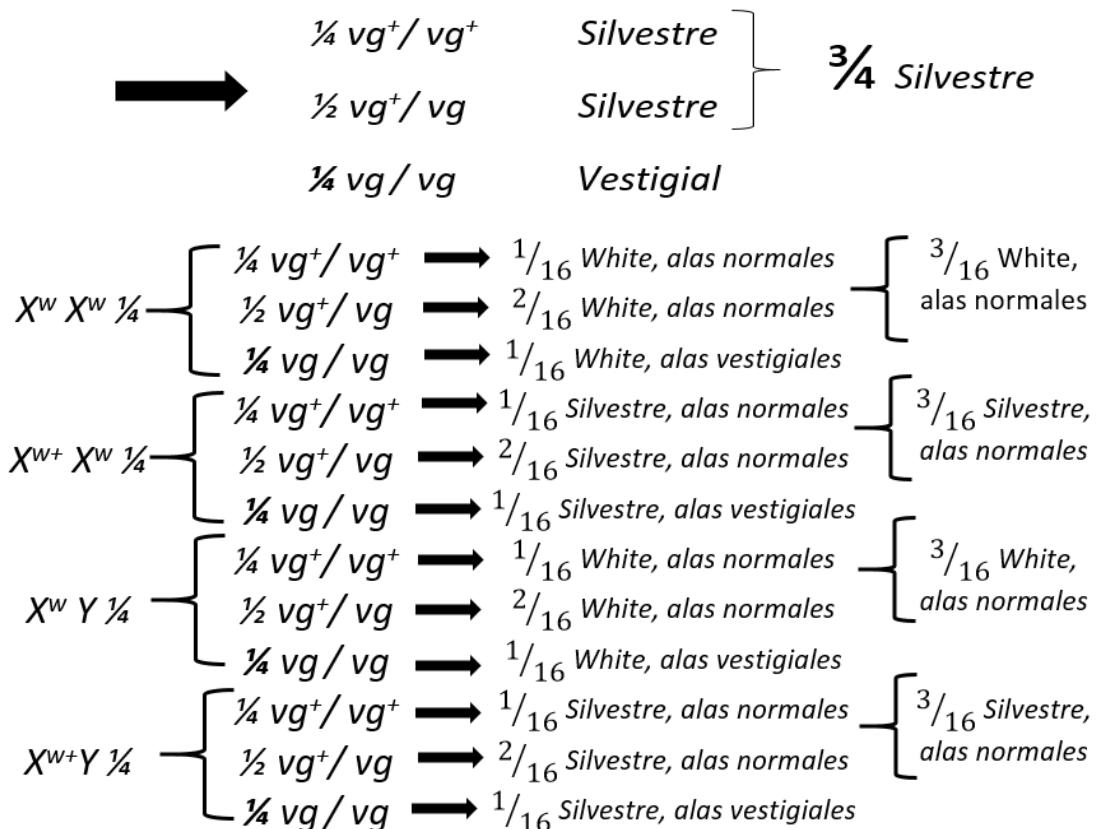
Según los resultados del cruce directo, hay una probabilidad de $1/16$, tanto para hembras como para machos. Por lo tanto, por probabilidad condicionada:

$$\begin{aligned} \text{Probabilidad doble mutante: } & \frac{2}{16} = \frac{1}{8} \\ \text{Probabilidad otros fenotipos: } & \frac{14}{16} = \frac{7}{8} \end{aligned}$$

Es decir que, en total existe una probabilidad de $1/7$ de obtener individuos dobles mutantes, en toda la progenie de la F2.



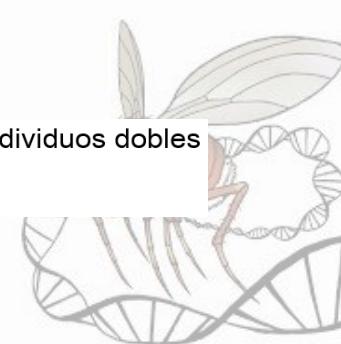
Fenotipos



Según los resultados del cruce directo, hay una probabilidad de $1/16$, tanto para hembras como para machos. Por lo tanto, por probabilidad condicionada:

$$\begin{aligned} \text{Probabilidad doble mutante: } & \frac{2}{16} = \frac{1}{8} \\ \text{Probabilidad otros fenotipos: } & \frac{14}{16} = \frac{7}{8} \end{aligned}$$

Es decir que, en total existe una probabilidad de $1/7$ de obtener individuos dobles mutantes, en toda la progenie de la F2.



Cruce reciproco: $\text{♀ } X^{w+}vg/X^wvg \times \text{♂ } X^wvg^+/Yvg^+$

F1

♂/♀	$X^{w+}vg$	$X^{w+}vg$
X^wvg^+	$X^{w+}vg/X^wvg^+$	$X^{w+}vg/X^wvg^+$
Yvg^+	$X^{w+}vg/Yvg^+$	$X^{w+}vg/Yvg^+$

Hembras: $X^{w+}vg/X^wvg^+$ Silvestre, alas normales

Machos: $X^{w+}vg/Yvg^+$ Silvestre, alas normales

$\text{♀ } X^{w+}vg/X^wvg^+ \times \text{♂ } X^{w+}vg/Yvg^+$

Fenotipos

F2

Hembras:

$\text{♀ } X^wX^{w+} \times \text{♂ } X^wY$

$X^{w+}X^{w+} \frac{1}{4}$ Silvestre

♂/♀	X^{w+}	X^w
X^{w+}	$X^{w+}X^{w+}$	$X^{w+}X^w$
Y	$X^{w+}Y$	X^wY

Machos:

$X^{w+}Y \frac{1}{4}$ Silvestre

$X^wY \frac{1}{4}$ White

$\text{♀ } vg^+vg \times \text{♂ } vg^+vg$

♂/♀	vg^+	Vg
vg^+	vg^+/vg^+	vg^+/vg
vg	vg^+/vg	vg/vg

Fenotipos

$\frac{1}{4} vg^+/vg^+$

Silvestre

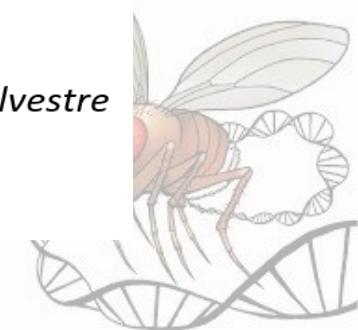
$\frac{1}{2} vg^+/vg$

Silvestre

$\frac{1}{4} vg/vg$

Vestigial

$\frac{3}{4}$ Silvestre



Cruce reciproco: $\text{♀ } X^{w+}vg/X^wvg \times \text{♂ } X^wvg^+/Yvg^+$

F1

♂/♀	$X^{w+}vg$	$X^{w+}vg$
X^wvg^+	$X^{w+}vg/X^wvg^+$	$X^{w+}vg/X^wvg^+$
Yvg^+	$X^{w+}vg/Yvg^+$	$X^{w+}vg/Yvg^+$

Hembras: $X^{w+}vg/X^wvg^+$ Silvestre, alas normales

Machos: $X^{w+}vg/Yvg^+$ Silvestre, alas normales

$\text{♀ } X^{w+}vg/X^wvg^+ \times \text{♂ } X^{w+}vg/Yvg^+$

Fenotipos

F2

Hembras:

$\text{♀ } X^wX^{w+} \times \text{♂ } X^wY$

$X^{w+}X^{w+} \frac{1}{4}$ Silvestre

♂/♀	X^{w+}	X^w
X^{w+}	$X^{w+}X^{w+}$	$X^{w+}X^w$
Y	$X^{w+}Y$	X^wY

Machos:

$X^{w+}Y \frac{1}{4}$ Silvestre

$X^wY \frac{1}{4}$ White

$\text{♀ } vg^+vg \times \text{♂ } vg^+vg$

♂/♀	vg^+	Vg
vg^+	vg^+/vg^+	vg^+/vg
vg	vg^+/vg	vg/vg

Fenotipos

$\frac{1}{4} vg^+/vg^+$

Silvestre

$\frac{1}{2} vg^+/vg$

Silvestre

$\frac{1}{4} vg/vg$

Vestigial



$X^{w+} X^{w+} \frac{1}{4}$	$\frac{1}{4} vg^+/vg^+ \rightarrow \frac{1}{16} Silvestre, alas normales$	$\frac{1}{2} vg^+/vg \rightarrow \frac{2}{16} Silvestre, alas normales$	$\frac{1}{4} vg/vg \rightarrow \frac{1}{16} Silvestre, alas vestigiales$	$\left[\begin{array}{l} \frac{3}{16} Silvestre, \\ alas normales \end{array} \right]$
$X^{w+} X^w \frac{1}{4}$	$\frac{1}{4} vg^+/vg^+ \rightarrow \frac{1}{16} Silvestre, alas normales$	$\frac{1}{2} vg^+/vg \rightarrow \frac{2}{16} Silvestre, alas normales$	$\frac{1}{4} vg/vg \rightarrow \frac{1}{16} Silvestre, alas vestigiales$	$\left[\begin{array}{l} \frac{3}{16} Silvestre, \\ alas normales \end{array} \right]$
$X^w Y \frac{1}{4}$	$\frac{1}{4} vg^+/vg^+ \rightarrow \frac{1}{16} White, alas normales$	$\frac{1}{2} vg^+/vg \rightarrow \frac{2}{16} White, alas normales$	$\frac{1}{4} vg/vg \rightarrow \frac{1}{16} White, alas vestigiales$	$\left[\begin{array}{l} \frac{3}{16} White, \\ alas normales \end{array} \right]$
$X^{w+} Y \frac{1}{4}$	$\frac{1}{4} vg^+/vg^+ \rightarrow \frac{1}{16} Silvestre, alas normales$	$\frac{1}{2} vg^+/vg \rightarrow \frac{2}{16} Silvestre, alas normales$	$\left[\begin{array}{l} \frac{3}{16} Silvestre, \\ alas normales \end{array} \right]$	

Según los resultados del cruce recíproco, solo existe una probabilidad de $1/16$ de obtener individuos dobles mutantes machos. Por lo tanto, por probabilidad condicionada:

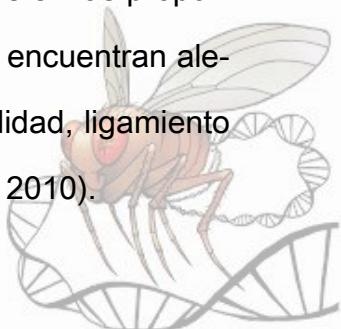
$$\text{Probabilidad doble mutante: } \frac{1}{16} = \frac{1}{15}$$

$$\text{Probabilidad otros fenotipos: } \frac{15}{16}$$

Es decir que, en total existe una probabilidad de $1/7$ de obtener individuos machos dihíbridos en toda la progenie de la F2.

Modificaciones de las proporciones mendelianas

Las proporciones y principios mendelianos se ajustan a la forma de herencia de una gran variedad de caracteres; sin embargo, se han descubierto variables con respecto al tipo de herencia o condiciones que producen cambios en las proporciones esperadas bajo los postulados de Mendel. Entre ellas se encuentran alelos múltiples, codominancia, interacción génica o epistasis, letalidad, ligamiento al sexo, herencia citoplasmática, genes vs ambiente, etc (Matta, 2010).



$X^{w+} X^{w+} \frac{1}{4}$	$\frac{1}{4} vg^+/vg^+ \rightarrow \frac{1}{16} Silvestre, alas normales$	$\frac{1}{2} vg^+/vg \rightarrow \frac{2}{16} Silvestre, alas normales$	$\frac{1}{4} vg/vg \rightarrow \frac{1}{16} Silvestre, alas vestigiales$	$\left[\begin{array}{l} \frac{3}{16} Silvestre, \\ alas normales \end{array} \right]$
$X^{w+} X^w \frac{1}{4}$	$\frac{1}{4} vg^+/vg^+ \rightarrow \frac{1}{16} Silvestre, alas normales$	$\frac{1}{2} vg^+/vg \rightarrow \frac{2}{16} Silvestre, alas normales$	$\frac{1}{4} vg/vg \rightarrow \frac{1}{16} Silvestre, alas vestigiales$	$\left[\begin{array}{l} \frac{3}{16} Silvestre, \\ alas normales \end{array} \right]$
$X^w Y \frac{1}{4}$	$\frac{1}{4} vg^+/vg^+ \rightarrow \frac{1}{16} White, alas normales$	$\frac{1}{2} vg^+/vg \rightarrow \frac{2}{16} White, alas normales$	$\frac{1}{4} vg/vg \rightarrow \frac{1}{16} White, alas vestigiales$	$\left[\begin{array}{l} \frac{3}{16} White, \\ alas normales \end{array} \right]$
$X^w Y \frac{1}{4}$	$\frac{1}{4} vg^+/vg^+ \rightarrow \frac{1}{16} White, alas normales$	$\frac{1}{2} vg^+/vg \rightarrow \frac{2}{16} White, alas normales$	$\frac{1}{4} vg/vg \rightarrow \frac{1}{16} White, alas vestigiales$	$\left[\begin{array}{l} \frac{3}{16} White, \\ alas normales \end{array} \right]$
$X^{w+} Y \frac{1}{4}$	$\frac{1}{4} vg^+/vg^+ \rightarrow \frac{1}{16} Silvestre, alas normales$	$\frac{1}{2} vg^+/vg \rightarrow \frac{2}{16} Silvestre, alas normales$	$\left[\begin{array}{l} \frac{3}{16} Silvestre, \\ alas normales \end{array} \right]$	

Según los resultados del cruce recíproco, solo existe una probabilidad de $1/16$ de obtener individuos dobles mutantes machos. Por lo tanto, por probabilidad condicionada:

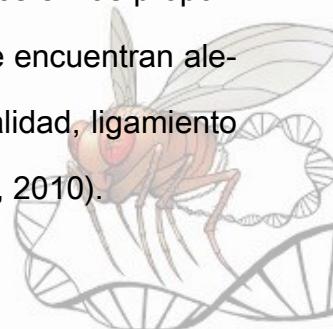
$$\text{Probabilidad doble mutante: } \frac{1}{16} = \frac{1}{15}$$

$$\text{Probabilidad otros fenotipos: } \frac{15}{16}$$

Es decir que, en total existe una probabilidad de $1/7$ de obtener individuos machos dihíbridos en toda la progenie de la F2.

Modificaciones de las proporciones mendelianas

Las proporciones y principios mendelianos se ajustan a la forma de herencia de una gran variedad de caracteres; sin embargo, se han descubierto variables con respecto al tipo de herencia o condiciones que producen cambios en las proporciones esperadas bajo los postulados de Mendel. Entre ellas se encuentran alelos múltiples, codominancia, interacción génica o epistasis, letalidad, ligamiento al sexo, herencia citoplasmática, genes vs ambiente, etc (Matta, 2010).



Letalidad

Los genes letales son aquellos que si se dan en el genotipo de un individuo pueden producir la muerte en el periodo prenatal o entre el nacimiento. Significa que los individuos que posean en su genoma genes letales, jamás producirán descendencia. Las proporciones fenotípicas son de 2:1 y el fenotipo describe el genotipo (Genes letales, s. f.) (CAMBIAR CITA)

Ejemplo: Determine la probabilidad de aparición de una mosca con fenotipo *Curly-e ebony*, si se aparea una hembra *Curly* con genotipo $Cy+/Cy\ e+/e$ con un macho *ebony* con genotipo $Cy+/Cy\ e/e$. La mutación *Curly*, Cy es dominante y letal en los homocigotos; por tanto, solo se encontrarán moscas mutantes heterocigotas. La mutación *ebony* es recesiva (Matta, 2010).

P: Hembra X Macho Fenotipo

$Cy+/Cy; e+/e$ ↓ $Cy+/Cy; e/$

F1:

Gametos	$Cy+e+$	$Cy+e$	$Cye+$	Cye
$Cy+e$	$Cy+/Cy+; e+/e$	$Cy+/Cy+; e/e$	$Cy+/Cy; e+/e$	$Cy+/Cy; e/e$
Cye	$Cy*/Cy; e+/e$	$Cy+/Cy; e/e$	$Cy/Cy; e+/e$	$Cy/Cy; e/e$

Así, aunque Cy es dominante sobre el alelo silvestre $Cy+$, solo los heterocigotos son viables. Por tanto las moscas con el fenotipo deseado *curly-e ebony* $Cy+/Cy\ e/e$ se obtienen en una proporción de 2/6. Esta proporción difiere de la de herencia mendeliana (Matta, 2010).



Letalidad

Los genes letales son aquellos que si se dan en el genotipo de un individuo pueden producir la muerte en el periodo prenatal o entre el nacimiento. Significa que los individuos que posean en su genoma genes letales, jamás producirán descendencia. Las proporciones fenotípicas son de 2:1 y el fenotipo describe el genotipo (Genes letales, s. f.) (CAMBIAR CITA)

Ejemplo: Determine la probabilidad de aparición de una mosca con fenotipo *Curly-e ebony*, si se aparea una hembra *Curly* con genotipo $Cy+/Cy\ e+/e$ con un macho *ebony* con genotipo $Cy+/Cy\ e/e$. La mutación *Curly*, Cy es dominante y letal en los homocigotos; por tanto, solo se encontrarán moscas mutantes heterocigotas. La mutación *ebony* es recesiva (Matta, 2010).

P: Hembra X Macho Fenotipo

$Cy+/Cy; e+/e$ ↓ $Cy+/Cy; e/$

F1:

Gametos	$Cy+e+$	$Cy+e$	$Cye+$	Cye
$Cy+e$	$Cy+/Cy+; e+/e$	$Cy+/Cy+; e/e$	$Cy+/Cy; e+/e$	$Cy+/Cy; e/e$
Cye	$Cy*/Cy; e+/e$	$Cy+/Cy; e/e$	$Cy/Cy; e+/e$	$Cy/Cy; e/e$

Así, aunque Cy es dominante sobre el alelo silvestre $Cy+$, solo los heterocigotos son viables. Por tanto las moscas con el fenotipo deseado *curly-e ebony* $Cy+/Cy\ e/e$ se obtienen en una proporción de 2/6. Esta proporción difiere de la de herencia mendeliana (Matta, 2010).



Herencia ligada al sexo.

Algunos rasgos determinados por genes se encuentran en cualquiera de los dos cromosomas sexuales: X o Y. De modo que las proporciones obtenidas en la descendencia cambian respecto a los genes somáticos. Los genes anómalos se encuentran en el cromosoma X y son dominantes, además en homocigosis se produce la enfermedad (Gómez, 2008).

Se muestran desviaciones a los postulados de Mendel, pues el sexo de quien aporta los gametos sí importa y produce variación en las proporciones fenotípicas de las generaciones filiales, en contraste con lo referido para caracteres estrictamente mendelianos, donde no interesa el sexo de quien aporte los gametos (Matta, 2010).

Ejemplo: Determinar las proporciones esperadas para un cruce de una hembra *Bar* con un macho silvestre y el cruce recíproco. Obtener F1 y F2 de manera directa y recíproca.

CRUCE MONOHÍBRIDO

Parentales: Silvestre (B^+) X Bar (B)

Cruce directo: $\text{♀}X^B/X^B \times \text{♂}X^{B+}/Y$

F1

$\text{♂}/\text{♀}$	X^B	X^B
X^{B+}	X^{B+}/X^B	X^{B+}/X^B
Y	X^B/Y	X^B/Y

Hembras: $\frac{1}{2} X^{B+}/X^B$ Bar
Machos: $\frac{1}{2} X^B/Y$ Bar



Herencia ligada al sexo.

Algunos rasgos determinados por genes se encuentran en cualquiera de los dos cromosomas sexuales: X o Y. De modo que las proporciones obtenidas en la descendencia cambian respecto a los genes somáticos. Los genes anómalos se encuentran en el cromosoma X y son dominantes, además en homocigosis se produce la enfermedad (Gómez, 2008).

Se muestran desviaciones a los postulados de Mendel, pues el sexo de quien aporta los gametos sí importa y produce variación en las proporciones fenotípicas de las generaciones filiales, en contraste con lo referido para caracteres estrictamente mendelianos, donde no interesa el sexo de quien aporte los gametos (Matta, 2010).

Ejemplo: Determinar las proporciones esperadas para un cruce de una hembra *Bar* con un macho silvestre y el cruce recíproco. Obtener F1 y F2 de manera directa y recíproca.

CRUCE MONOHÍBRIDO

Parentales: Silvestre (B^+) X Bar (B)

Cruce directo: $\text{♀}X^B/X^B \times \text{♂}X^{B+}/Y$

F1

$\text{♂}/\text{♀}$	X^B	X^B
X^{B+}	X^{B+}/X^B	X^{B+}/X^B
Y	X^B/Y	X^B/Y

Hembras: $\frac{1}{2} X^{B+}/X^B$ Bar
Machos: $\frac{1}{2} X^B/Y$ Bar



$\text{♀ } X^{B+}/X^B \times \text{♂ } X^{B+}/Y$

F2

♂/♀	X^B	X^{B+}
X^B	X^B/X^B	X^{B+}/X^B
Y	X^B/Y	X^{B+}/Y

Hembras:

$\frac{1}{4} X^B/X^B \text{ Bar}$

$\frac{1}{4} X^{B+}/X^B \text{ Bar}$

Machos:

$\frac{1}{4} X^{B+}/Y \text{ Silvestre}$

$\frac{1}{4} X^B/Y \text{ Bar}$

$\text{♀ } X^{B+}/X^B \times \text{♂ } X^{B+}/Y$

F2

♂/♀	X^B	X^{B+}
X^B	X^B/X^B	X^{B+}/X^B
Y	X^B/Y	X^{B+}/Y

Hembras:

$\frac{1}{4} X^B/X^B \text{ Bar}$

$\frac{1}{4} X^{B+}/X^B \text{ Bar}$

Machos:

$\frac{1}{4} X^{B+}/Y \text{ Silvestre}$

$\frac{1}{4} X^B/Y \text{ Bar}$

Cruce recíproco: $\text{♀ } X^{B+}/X^B \times \text{♂ } X^B/Y$

Cruce recíproco: $\text{♀ } X^{B+}/X^B \times \text{♂ } X^B/Y$

F1

♂/♀	X^{B+}	X^{B+}
X^B	X^{B+}/X^B	X^{B+}/X^B
Y	X^{B+}/Y	X^{B+}/Y

♂/♀	X^{B+}	X^{B+}
X^B	X^{B+}/X^B	X^{B+}/X^B
Y	X^{B+}/Y	X^{B+}/Y

Hembras: $\frac{1}{2} X^{B+}/X^B \text{ Bar}$

Machos: $\frac{1}{2} X^{B+}/Y \text{ Silvestre}$

Hembras: $\frac{1}{2} X^{B+}/X^B \text{ Bar}$

Machos: $\frac{1}{2} X^{B+}/Y \text{ Silvestre}$

$\text{♀ } X^{B+}/X^B \times \text{♂ } X^{B+}/Y$

F2

♂/♀	X^{B+}	X^B
X^{B+}	X^{B+}/X^{B+}	X^{B+}/X^B
Y	X^{B+}/Y	X^B/Y

Hembras:

$\frac{1}{4} X^{B+}/X^B \text{ Bar}$

$\frac{1}{4} X^{B+}/X^{B+} \text{ Silvestre}$

Machos:

$\frac{1}{4} X^B/Y \text{ Bar}$

$\frac{1}{4} X^{B+}/Y \text{ Silvestre}$

$\text{♀ } X^{B+}/X^B \times \text{♂ } X^{B+}/Y$

F2

♂/♀	X^{B+}	X^B
X^{B+}	X^{B+}/X^{B+}	X^{B+}/X^B
Y	X^{B+}/Y	X^B/Y

Hembras:

$\frac{1}{4} X^{B+}/X^B \text{ Bar}$

$\frac{1}{4} X^{B+}/X^{B+} \text{ Silvestre}$

Machos:

$\frac{1}{4} X^B/Y \text{ Bar}$

$\frac{1}{4} X^{B+}/Y \text{ Silvestre}$

Ejemplo: Determinar las proporciones esperadas para un cruce de una hembra *White* con un macho silvestre y el cruce recíproco. Debido a que la mutación es recesiva, debe estar presente ambos cromosomas un sexuales X, en el caso de las hembras, y solo en el X de forma recesiva correspondiente al macho, para observarse en el fenotipo. Obtener F1 y F2 de manera directa y recíproca.

CRUCE MONOHÍBRIDO

Parentales: Silvestre (w^+) X White (w)

Cruce directo: $\text{♀ } X^{w+}/X^{w+} \times \text{♂ } X^w/Y$

F1

♂/♀	X^{w+}	X^{w+}
X^w	X^{w+}/X^w	X^{w+}/X^w
Y	X^{w+}/Y	X^{w+}/Y

→ **Hembras:** $\frac{1}{2} X^{w+}/X^w$ Silvestre

Machos: $\frac{1}{2} X^{w+}/Y$ Silvestre

$\text{♀ } X^{w+}/X^w \times \text{♂ } X^{w+}/Y$

F2

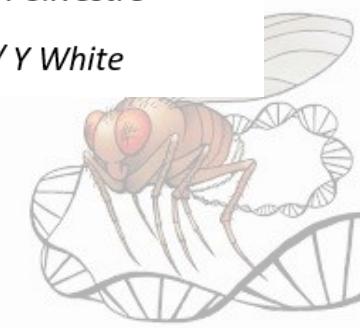
♂/♀	X^{w+}	X^w
X^{w+}	X^{w+}/X^{w+}	X^{w+}/X^w
Y	X^{w+}/Y	X^w/Y

Hembras:

$\frac{1}{4} X^{w+}/X^{w+}$ Silvestre
 $\frac{1}{4} X^{w+}/X^w$ Silvestre

Machos:

$\frac{1}{4} X^{w+}/Y$ Silvestre
 $\frac{1}{4} X^w/Y$ White



Ejemplo: Determinar las proporciones esperadas para un cruce de una hembra *White* con un macho silvestre y el cruce recíproco. Debido a que la mutación es recesiva, debe estar presente ambos cromosomas un sexuales X, en el caso de las hembras, y solo en el X de forma recesiva correspondiente al macho, para observarse en el fenotipo. Obtener F1 y F2 de manera directa y recíproca.

CRUCE MONOHÍBRIDO

Parentales: Silvestre (w^+) X White (w)

Cruce directo: $\text{♀ } X^{w+}/X^{w+} \times \text{♂ } X^w/Y$

F1

♂/♀	X^{w+}	X^{w+}
X^w	X^{w+}/X^w	X^{w+}/X^w
Y	X^{w+}/Y	X^{w+}/Y

→ **Hembras:** $\frac{1}{2} X^{w+}/X^w$ Silvestre

Machos: $\frac{1}{2} X^{w+}/Y$ Silvestre

$\text{♀ } X^{w+}/X^w \times \text{♂ } X^{w+}/Y$

F2

♂/♀	X^{w+}	X^w
X^{w+}	X^{w+}/X^{w+}	X^{w+}/X^w
Y	X^{w+}/Y	X^w/Y

Hembras:

$\frac{1}{4} X^{w+}/X^{w+}$ Silvestre
 $\frac{1}{4} X^{w+}/X^w$ Silvestre

Machos:

$\frac{1}{4} X^{w+}/Y$ Silvestre
 $\frac{1}{4} X^w/Y$ White



Cruce recíproco: $\text{♀} X^w/X^w \times \text{♂} X^{w+}/Y$

F1

$\text{♂}/\text{♀}$	X^w	X^w
X^{w+}	X^{w+}/X^w	X^{w+}/X^w
Y	X^w/Y	X^w/Y

\rightarrow Hembras: $\frac{1}{2} X^{w+}/X^w$ Silvestre

Machos: $\frac{1}{2} X^w/Y$ White

$\text{♀} X^{w+}/X^w \times \text{♂} X^w/Y$

F2

$\text{♂}/\text{♀}$	X^{w+}	X^w
X^w	X^{w+}/X^w	X^w/X^w
Y	X^{w+}/Y	X^w/Y

Hembras:

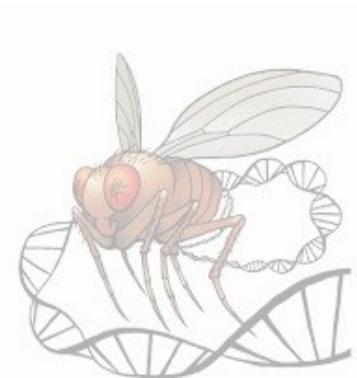
$\frac{1}{4} X^{w+}/X^w$ Silvestre

$\frac{1}{4} X^w/X^w$ White

Machos:

$\frac{1}{4} X^{w+}/Y$ Silvestre

$\frac{1}{4} X^w/Y$ White



Cruce recíproco: $\text{♀} X^w/X^w \times \text{♂} X^{w+}/Y$

F1

$\text{♂}/\text{♀}$	X^w	X^w
X^{w+}	X^{w+}/X^w	X^{w+}/X^w
Y	X^w/Y	X^w/Y

\rightarrow Hembras: $\frac{1}{2} X^{w+}/X^w$ Silvestre

Machos: $\frac{1}{2} X^w/Y$ White

$\text{♀} X^{w+}/X^w \times \text{♂} X^w/Y$

F2

$\text{♂}/\text{♀}$	X^{w+}	X^w
X^w	X^{w+}/X^w	X^w/X^w
Y	X^{w+}/Y	X^w/Y

Hembras:

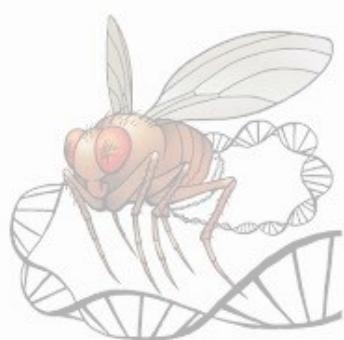
$\frac{1}{4} X^{w+}/X^w$ Silvestre

$\frac{1}{4} X^w/X^w$ White

Machos:

$\frac{1}{4} X^{w+}/Y$ Silvestre

$\frac{1}{4} X^w/Y$ White



EPISTASIS

CONCEPTO DE EPISTASIS

Se denomina epistático al gen que se manifiesta e hipostático al gen no alélico que se inhibe o se reprime. Los genes que causan el fenómeno de la epistasis pueden estar localizados en el mismo cromosoma o en cromosomas diferentes (Stansfield, 1995).

Se conocen seis tipos diferentes de interacciones génicas con epistasia, tres de ellas se manifiestan con tres fenotipos y las otras tres tienen sólo dos fenotipos y cada una de ellas con una denominación diferente (Stansfield, 1995).

Epistasis recesiva simple o sencilla

Ocurre cuando el genotipo recesivo de un locus (por ejemplo yy) enmascara la expresión de los alelos del locus Z, se dice que el locus Y presenta epistasia recesiva sobre el locus Z. Solo si el alelo dominante está presente en el locus Y, puede expresarse los alelos del locus Z hipostático; o sea que el gen yy en estado homocigótico es epistático a los genes Z y z; razón por la cual la proporción 9:3:3:1 se convierte en 9:3:4, obteniéndose tres fenotipos (Stansfield, 1995).

Ejemplo: Epistasis en los mutantes de las alas de *Drosophila melanogaster*.

Se seleccionaron tres mutantes controlados para ala para genes recesivos autosómicos. Estos fueron: alas cortas (SH) alas vestigiales (VG) y el plexo (píxeles). Figura Se hicieron dos cruces, se llevaron a través de la generación F2 y los resultados F2 se analizaron por el método de chi-cuadrado para determinar si cualquier epistasia era posible. Figura. (Hered, 1971).



EPISTASIS

CONCEPTO DE EPISTASIS

Se denomina epistático al gen que se manifiesta e hipostático al gen no alélico que se inhibe o se reprime. Los genes que causan el fenómeno de la epistasia pueden estar localizados en el mismo cromosoma o en cromosomas diferentes (Stansfield, 1995).

Se conocen seis tipos diferentes de interacciones génicas con epistasia, tres de ellas se manifiestan con tres fenotipos y las otras tres tienen sólo dos fenotipos y cada una de ellas con una denominación diferente (Stansfield, 1995).

Epistasis recesiva simple o sencilla

Ocurre cuando el genotipo recesivo de un locus (por ejemplo yy) enmascara la expresión de los alelos del locus Z, se dice que el locus Y presenta epistasia recesiva sobre el locus Z. Solo si el alelo dominante está presente en el locus Y, puede expresarse los alelos del locus Z hipostático; o sea que el gen yy en estado homocigótico es epistático a los genes Z y z; razón por la cual la proporción 9:3:3:1 se convierte en 9:3:4, obteniéndose tres fenotipos (Stansfield, 1995).

Ejemplo: Epistasis en los mutantes de las alas de *Drosophila melanogaster*.

Se seleccionaron tres mutantes controlados para ala para genes recesivos autosómicos. Estos fueron: alas cortas (SH) alas vestigiales (VG) y el plexo (píxeles). Figura Se hicieron dos cruces, se llevaron a través de la generación F2 y los resultados F2 se analizaron por el método de chi-cuadrado para determinar si cualquier epistasia era posible. Figura. (Hered, 1971).



1. Short	$\frac{+}{+}$	$\frac{sh}{sh}$	\times vestigial	$\frac{vg}{vg}$	$\frac{+}{+}$
	$\frac{+}{+}$	$\frac{sh}{sh}$		$\frac{vg}{vg}$	$\frac{+}{+}$
2. Short	$\frac{+}{+}$	$\frac{sh}{sh}$	\times plexus	$\frac{px}{px}$	$\frac{+}{+}$
	$\frac{+}{+}$	$\frac{sh}{sh}$		$\frac{px}{px}$	$\frac{+}{+}$

Figura. Cruces realizados para estudiar el tipo de epistasis que se presenta (Hered, 1971).

Cross No.	P ₁ cross	F ₂ wing mutant distribution*
1	Short \times vestigial	305 normal, 104 vestigial, 175 short
2	Short \times plexus	375 normal, 116 short, 165 plexus

* Totals are combined from three individual vials

Figura. Distribución de la F₂ para las mutaciones de las alas (Hered, 1971).

$$*305+104+175= 584/16= 36.5$$

$$305/ 36= 8.5 \rightarrow 9$$

$$104/36= 2.8 \rightarrow 3$$

$$175/36=4.8$$

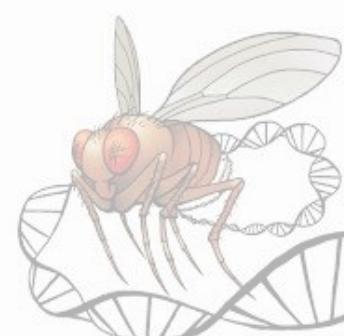
$$*375/ 41= 9,1$$

$$116/41= 2,8 \rightarrow 3$$

$$165/41= 4$$

De acuerdo a los datos anteriores se obtuvo una proporción 9:3:4 Epistasis recesiva, pero χ^2 = cruce 1, $P = 0.03$; cruce 2, $P = 0.78$.

Se rechaza la H_0 . La característica no está gobernada por un gen que presenta epistasis recesiva.



1. Short	$\frac{+}{+}$	$\frac{sh}{sh}$	\times vestigial	$\frac{vg}{vg}$	$\frac{+}{+}$
	$\frac{+}{+}$	$\frac{sh}{sh}$		$\frac{vg}{vg}$	$\frac{+}{+}$
2. Short	$\frac{+}{+}$	$\frac{sh}{sh}$	\times plexus	$\frac{px}{px}$	$\frac{+}{+}$
	$\frac{+}{+}$	$\frac{sh}{sh}$		$\frac{px}{px}$	$\frac{+}{+}$

Figura. Cruces realizados para estudiar el tipo de epistasis que se presenta (Hered, 1971).

Cross No.	P ₁ cross	F ₂ wing mutant distribution*
1	Short \times vestigial	305 normal, 104 vestigial, 175 short
2	Short \times plexus	375 normal, 116 short, 165 plexus

* Totals are combined from three individual vials

Figura. Distribución de la F₂ para las mutaciones de las alas (Hered, 1971).

$$*305+104+175= 584/16= 36.5$$

$$305/ 36= 8.5 \rightarrow 9$$

$$104/36= 2.8 \rightarrow 3$$

$$175/36=4.8$$

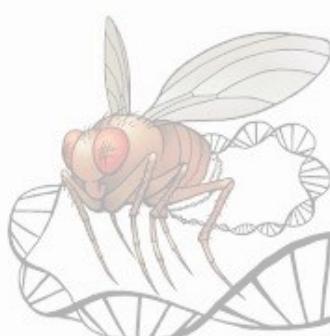
$$*375/ 41= 9,1$$

$$116/41= 2,8 \rightarrow 3$$

$$165/41= 4$$

De acuerdo a los datos anteriores se obtuvo una proporción 9:3:4 Epistasis recesiva, pero χ^2 = cruce 1, $P = 0.03$; cruce 2, $P = 0.78$.

Se rechaza la H_0 . La característica no está gobernada por un gen que presenta epistasis recesiva.



Epistasis recesiva duplicada

Los alelos recesivos en uno de los locus o en ambos producen el mismo fenotipo; en cambio cuando los alelos dominantes, están juntos se complementan y dan lugar a otro fenotipo diferente; el resultado de esta interacción génica son dos fenotipos en una relación de 9:7 (Stansfield, 1995).

Ejemplo: Se cruzaron dos moscas *Drosophila melanogaster*, una *sepia* y *scarlet*, se obtuvieron los siguientes resultados: 53 eran *Sepia* y 43 *Scarlet*. ¿Qué tipo de herencia gobierna esta característica?

$$53+43= 96/16= 6$$

$$53/6= 8.8 \rightarrow 9$$

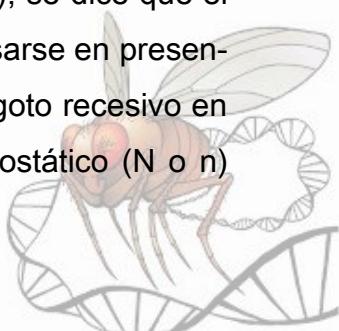
$$43/6= 7.16 \rightarrow 7$$

	Obs	Esp	$(Ob-esp-0.5)^2/esp$
<i>Sepia</i>	53	54	0.0416
<i>Scarlet</i>	43	42	0.0059
	Total		0.047

$X_c < X_T$ Acepto la H_0 , la característica está gobernada por un gen que presenta epistasis recesiva duplicada, se obtiene la razón 9:7 y las desviaciones se deben al azar.

Epistasis dominante simple o sencilla

Si el alelo dominante en un locus, por ejemplo el alelo M, produce cierto fenotipo sin tomar en cuenta la condición alélica en el otro locus (N), se dice que el locus M es epistático al locus N. El alelo M es capaz de expresarse en presencia de N o n, solo cuando el genotipo del individuo es homocigoto recesivo en el locus epistático (mm) se expresan los alelos del locus hipostático (N o n) (Stansfield, 1995).



Epistasis recesiva duplicada

Los alelos recesivos en uno de los locus o en ambos producen el mismo fenotipo; en cambio cuando los alelos dominantes, están juntos se complementan y dan lugar a otro fenotipo diferente; el resultado de esta interacción génica son dos fenotipos en una relación de 9:7 (Stansfield, 1995).

Ejemplo: Se cruzaron dos moscas *Drosophila melanogaster*, una *sepia* y *scarlet*, se obtuvieron los siguientes resultados: 53 eran *Sepia* y 43 *Scarlet*. ¿Qué tipo de herencia gobierna esta característica?

$$53+43= 96/16= 6$$

$$53/6= 8.8 \rightarrow 9$$

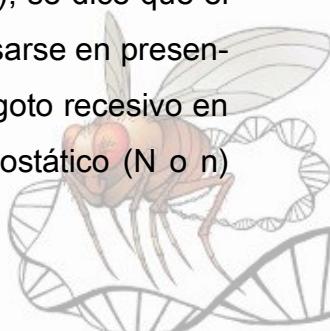
$$43/6= 7.16 \rightarrow 7$$

	Obs	Esp	$(Ob-esp-0.5)^2/esp$
<i>Sepia</i>	53	54	0.0416
<i>Scarlet</i>	43	42	0.0059
	Total		0.047

$X_c < X_T$ Acepto la H_0 , la característica está gobernada por un gen que presenta epistasis recesiva duplicada, se obtiene la razón 9:7 y las desviaciones se deben al azar.

Epistasis dominante simple o sencilla

Si el alelo dominante en un locus, por ejemplo el alelo M, produce cierto fenotipo sin tomar en cuenta la condición alélica en el otro locus (N), se dice que el locus M es epistático al locus N. El alelo M es capaz de expresarse en presencia de N o n, solo cuando el genotipo del individuo es homocigoto recesivo en el locus epistático (mm) se expresan los alelos del locus hipostático (N o n) (Stansfield, 1995).



En tal sentido los genotipos M-N- y M-nn producen el mismo fenotipo, mientras que mm N- y mmnn dan dos fenotipos adicionales; por lo tanto la proporción clásica de 9:3:3:1 se convierte en 12:3:1; por lo tanto se obtienen tres fenotipos (Stansfield, 1995).

$$30+45+5= 80/16= 5$$

$$30/5=6$$

$$45/5= 9$$

$$5/5=1$$

	Obs	Esp	$(Ob-esp)^2/ esp$
<i>Moire</i>	30	30	0
<i>Silvestres</i>	5	5	0
<i>Eyeless</i>	45	45	0
	Total	0	

$X_c < X_T$ Se acepta la H_0 . La característica está gobernada por un gen que presenta Epistasis dominante duplicada sin complementación, se obtiene la razón 9:6:1 y las desviaciones se deben al azar.

Epistasis dominante doble

En este tipo de interacción genética, se puede presentar el mismo fenotipo, si intervienen dos genes dominantes o un gen dominante con un recesivo; los genes recesivos manifiestan un fenotipo diferente; básicamente serán individuos que no manifestarán la condición. En esta interacción genética se tienen proporciones fenotípicas 15:1 y se obtienen dos fenotipos (Stansfield, 1995).



En tal sentido los genotipos M-N- y M-nn producen el mismo fenotipo, mientras que mm N- y mmnn dan dos fenotipos adicionales; por lo tanto la proporción clásica de 9:3:3:1 se convierte en 12:3:1; por lo tanto se obtienen tres fenotipos (Stansfield, 1995).

$$30+45+5= 80/16= 5$$

$$30/5=6$$

$$45/5= 9$$

$$5/5=1$$

	Obs	Esp	$(Ob-esp)^2/ esp$
<i>Moire</i>	30	30	0
<i>Silvestres</i>	5	5	0
<i>Eyeless</i>	45	45	0
	Total	0	

$X_c < X_T$ Se acepta la H_0 . La característica está gobernada por un gen que presenta Epistasis dominante duplicada sin complementación, se obtiene la razón 9:6:1 y las desviaciones se deben al azar.

Epistasis dominante doble

En este tipo de interacción genética, se puede presentar el mismo fenotipo, si intervienen dos genes dominantes o un gen dominante con un recesivo; los genes recesivos manifiestan un fenotipo diferente; básicamente serán individuos que no manifestarán la condición. En esta interacción genética se tienen proporciones fenotípicas 15:1 y se obtienen dos fenotipos (Stansfield, 1995).



Se cruzaron dos moscas *Drosophila melanogaster*, una Ebony con una vestigial y se obtuvieron los siguientes resultados: 117 Ebony, 28 vestigial y 9 silvestre. ¿Qué tipo de herencia gobierna esta característica?

$$117+28+9= 154$$

$$154/16 = 9,6 \rightarrow 10$$

$$117/10= 11.7 \rightarrow 12 ; 28/10= 0.28 \rightarrow 3 ; 9/10= 0.9 \rightarrow 1$$

Prueba chi2

	Obs	Esp	$(\text{Ob}-\text{esp})^2/\text{esp}$
<i>Ebony</i>	117	115.5	0.019
<i>Vestigial</i>	28	28.87	0.026
<i>Silvestre</i>	9	9.62	0.039
	Total		0.084

$$X_c = 0.084$$

$$X_T = 5,99$$

$X_c < X_T$ Acepto la H_0 , la característica está gobernada por un gen que presenta epistasia dominante, se obtiene la razón 12:3:1 y las desviaciones se deben al azar.

Se cruzaron dos moscas *Drosophila melanogaster*, una Ebony con una vestigial y se obtuvieron los siguientes resultados: 117 Ebony, 28 vestigial y 9 silvestre. ¿Qué tipo de herencia gobierna esta característica?

$$117+28+9= 154$$

$$154/16 = 9,6 \rightarrow 10$$

$$117/10= 11.7 \rightarrow 12 ; 28/10= 0.28 \rightarrow 3 ; 9/10= 0.9 \rightarrow 1$$

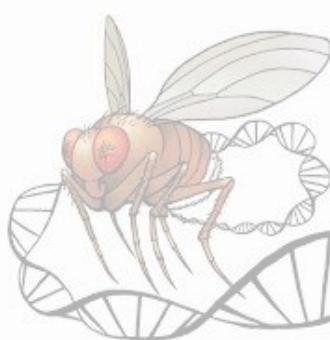
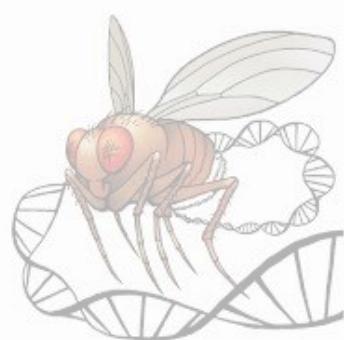
Prueba chi2

	Obs	Esp	$(\text{Ob}-\text{esp})^2/\text{esp}$
<i>Ebony</i>	117	115.5	0.019
<i>Vestigial</i>	28	28.87	0.026
<i>Silvestre</i>	9	9.62	0.039
	Total		0.084

$$X_c = 0.084$$

$$X_T = 5,99$$

$X_c < X_T$ Acepto la H_0 , la característica está gobernada por un gen que presenta epistasia dominante, se obtiene la razón 12:3:1 y las desviaciones se deben al azar.



LIGAMIENTO GENÉTICO

El ligamiento genético es la asociación de loci genéticos que tienden a heredarse juntos. Si entre 2 loci que están en el mismo cromosoma no existen puntos de recombinación estos loci tienden a heredarse juntos. Los loci que están ligados genéticamente se heredan juntos en una mayor proporción de la esperada según el principio de transmisión independiente. Que dos loci estén ligados se mide por su frecuencia de recombinación (Otero, s.f)

Así, se dice que están ligados cuando ésta es menor del 50%. Si ésta frecuencia es de 0, el ligamiento es completo. Teniendo en cuenta la frecuencia de recombinación entre genes se puede aproximar la distancia que separa a esos genes en los cromosomas.

COEFICIENTE DE INTERFERENCIA Y COINCIDENCIA

Se sabe que en la mayoría de los organismos superiores, la formación de un quiasma reduce la probabilidad de formación de otro quiasma en la región inmediatamente adyacente del cromosoma. Puede considerarse que esta reducción en la formación de quiasmas se deba a la incapacidad física de las cromátidas para plegarse sobre sí mismas dentro de cierta distancia mínima. El resultado neto de esta interferencia es la observación de que se presentan menos entrecruzamientos dobles de los que habría de esperarse de acuerdo con las distancias de mapa establecidas. La fuerza de la interferencia, varía en diferentes segmentos del cromosoma y se expresa comúnmente en términos del coeficiente de coincidencia, o el cociente entre los entrecruzamientos dobles observados y los esperados (<http://dataoteca.unad.edu.co>, s.f.)



LIGAMIENTO GENÉTICO

El ligamiento genético es la asociación de loci genéticos que tienden a heredarse juntos. Si entre 2 loci que están en el mismo cromosoma no existen puntos de recombinación estos loci tienden a heredarse juntos. Los loci que están ligados genéticamente se heredan juntos en una mayor proporción de la esperada según el principio de transmisión independiente. Que dos loci estén ligados se mide por su frecuencia de recombinación (Otero, s.f)

Así, se dice que están ligados cuando ésta es menor del 50%. Si ésta frecuencia es de 0, el ligamiento es completo. Teniendo en cuenta la frecuencia de recombinación entre genes se puede aproximar la distancia que separa a esos genes en los cromosomas.

COEFICIENTE DE INTERFERENCIA Y COINCIDENCIA

Se sabe que en la mayoría de los organismos superiores, la formación de un quiasma reduce la probabilidad de formación de otro quiasma en la región inmediatamente adyacente del cromosoma. Puede considerarse que esta reducción en la formación de quiasmas se deba a la incapacidad física de las cromátidas para plegarse sobre sí mismas dentro de cierta distancia mínima. El resultado neto de esta interferencia es la observación de que se presentan menos entrecruzamientos dobles de los que habría de esperarse de acuerdo con las distancias de mapa establecidas. La fuerza de la interferencia, varía en diferentes segmentos del cromosoma y se expresa comúnmente en términos del coeficiente de coincidencia, o el cociente entre los entrecruzamientos dobles observados y los esperados (<http://dataoteca.unad.edu.co>, s.f.)



$$\text{Coeficiente de coincidencia} = \frac{\% \text{ de recombinantes dobles observados}}{\% \text{ de recombinantes dobles esperados}}$$

La coincidencia es el complemento de la interferencia. Por lo tanto:

$$\text{Coincidencia} + \text{Interferencia} = 1.0$$

Ejemplo: Ligamiento en *Drosophila melanogaster* (Taller de Ligamiento, Garzón, 2016)

Un gen denominado bífido (*b*) produce vellos curvos o erizados en *Drosophila*. Otro gen denominado extendido (*e*) da por resultado alas que se encuentran en ángulo recto con relación al cuerpo. Un tercer gen denominado granate (*g*) produce color rosáceo. Hembras de tipo natural heterocigotas se cruzan con machos de tipo natural y estos fueron los resultados para la F1.

F1: Hembras todas de tipo natural.

Machos: 57 granate, extendidas.

419 granate, bífido.

60 bífidos.

1 bífido, Extendidas.

2 granate.

439 Extendidas.

13 Tipo silvestre.

9 Extendidas, granate, bífido.

¿En qué cromosoma se encuentran estos genes? ¿Cuáles son sus fenotipos y genotipos? Dibuje el mapa genético, hallar CDC y la interferencia.



$$\text{Coeficiente de coincidencia} = \frac{\% \text{ de recombinantes dobles observados}}{\% \text{ de recombinantes dobles esperados}}$$

La coincidencia es el complemento de la interferencia. Por lo tanto:

$$\text{Coincidencia} + \text{Interferencia} = 1.0$$

Ejemplo: Ligamiento en *Drosophila melanogaster* (Taller de Ligamiento, Garzón, 2016)

Un gen denominado bífido (*b*) produce vellos curvos o erizados en *Drosophila*. Otro gen denominado extendido (*e*) da por resultado alas que se encuentran en ángulo recto con relación al cuerpo. Un tercer gen denominado granate (*g*) produce color rosáceo. Hembras de tipo natural heterocigotas se cruzan con machos de tipo natural y estos fueron los resultados para la F1.

F1: Hembras todas de tipo natural.

Machos: 57 granate, extendidas.

419 granate, bífido.

60 bífidos.

1 bífido, Extendidas.

2 granate.

439 Extendidas.

13 Tipo silvestre.

9 Extendidas, granate, bífido.

¿En qué cromosoma se encuentran estos genes? ¿Cuáles son sus fenotipos y genotipos? Dibuje el mapa genético, hallar CDC y la interferencia.



GP → BbEeGg x BbEeGg

Genotipo	Fenotipo		bE/Be	Bg/BE	Eg/ eG
BbeeGG	Granate, extendida	57		57	57
bbEegg	Granate, bífido	419			
bbEeGg	Bífido	60		60	60
bbeeGg	Extendido, bífido	1	1	1	
BbEegg:	Granate	2	2	2	
BbeeGg	Extendidas	439			
BbEeGg	Silvestre	13	13		13
bbeegg	Extendida, Granate, bífido	9	9		9
	Total	1000	25	120	139+6 = 145

$$FR = 25/1000 = 0,025 = 2,5$$

$$120/1000 = 0,120 = 12$$

$$145/1000 = 0,145 = 14,5$$

$$CDC = \# R_{obs} / \# R_{esp} = 3/3 = 1$$

$$\# R_{esp} = 0,025 \times 0,120 = 3 \times E - 3 \times 1000 = 3$$

$$COI = 1 - COC = 1 - 3 = 2$$

Prueba chi-cuadrado

HO: Los genes b,E,g se agregan de manera independiente y al azar.

HA: Los genes b,E,g se encuentran ligados.



GP → BbEeGg x BbEeGg

Genotipo	Fenotipo		bE/Be	Bg/BE	Eg/ eG
BbeeGG	Granate, extendida	57		57	57
bbEegg	Granate, bífido	419			
bbEeGg	Bífido	60		60	60
bbeeGg	Extendido, bífido	1	1	1	
BbEegg:	Granate	2	2	2	
BbeeGg	Extendidas	439			
BbEeGg	Silvestre	13	13		13
bbeegg	Extendida, Granate, bífido	9	9		9
	Total	1000	25	120	139+6 = 145

$$FR = 25/1000 = 0,025 = 2,5$$

$$120/1000 = 0,120 = 12$$

$$145/1000 = 0,145 = 14,5$$

$$CDC = \# R_{obs} / \# R_{esp} = 3/3 = 1$$

$$\# R_{esp} = 0,025 \times 0,120 = 3 \times E - 3 \times 1000 = 3$$

$$COI = 1 - COC = 1 - 3 = 2$$

Prueba chi-cuadrado

HO: Los genes b,E,g se agregan de manera independiente y al azar.

HA: Los genes b,E,g se encuentran ligados.



Fo	Fe
57	125
419	125
60	125
1	125
2	125
439	125
13	125
9	125

$$\chi^2_C = 2003,05$$

$$\chi^2_T = 14,06$$

Se rechaza la H_0 : Los genes b,E,g se encuentran ligados.

Los genes se encuentran en el cromosoma x porque es el que es transmitido.

Fo	Fe
57	125
419	125
60	125
1	125
2	125
439	125
13	125
9	125

$$\chi^2_C = 2003,05$$

$$\chi^2_T = 14,06$$

Se rechaza la H_0 : Los genes b,E,g se encuentran ligados.

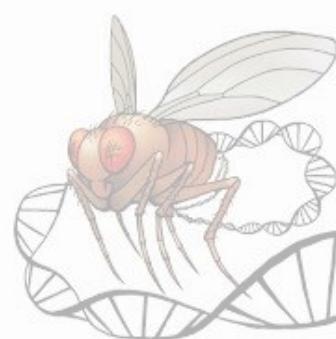
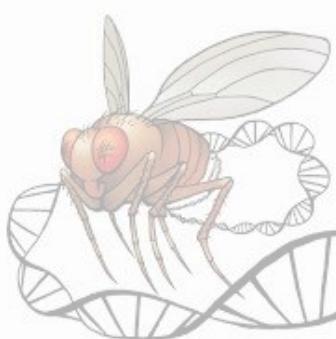
Los genes se encuentran en el cromosoma x porque es el que es transmitido.

PROBABILIDAD

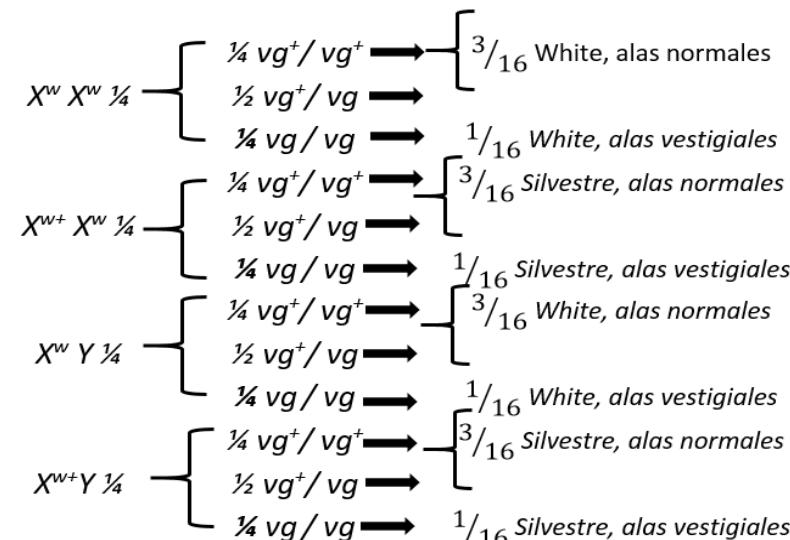
La probabilidad se refiere a la posibilidad de ocurrencia de un evento cualquiera. La teoría de la probabilidad se aplica en cualquier proceso de naturaleza aleatoria. Siendo la segregación, la recombinación y la asociación entre los genes procesos aleatorios, entonces estos procesos se rigen por los axiomas y las leyes de la probabilidad. Las frecuencias genéticas como probabilidades. El rango de probabilidad va desde 0, si es seguro que el suceso no va a ocurrir, hasta 1, cuando se piensa que ocurrirá. Para calcular la probabilidad se dividen los casos favorables entre los casos posibles (Castillo, 2011).

PROBABILIDAD

La probabilidad se refiere a la posibilidad de ocurrencia de un evento cualquiera. La teoría de la probabilidad se aplica en cualquier proceso de naturaleza aleatoria. Siendo la segregación, la recombinación y la asociación entre los genes procesos aleatorios, entonces estos procesos se rigen por los axiomas y las leyes de la probabilidad. Las frecuencias genéticas como probabilidades. El rango de probabilidad va desde 0, si es seguro que el suceso no va a ocurrir, hasta 1, cuando se piensa que ocurrirá. Para calcular la probabilidad se dividen los casos favorables entre los casos posibles (Castillo, 2011).



Ejemplo: A partir de las siguientes proporciones de F2 de un cruce dihíbrido directo entre una hembra white y un macho vestigial, determinar la probabilidad de obtener un individuos doble mutante en toda la progenie.



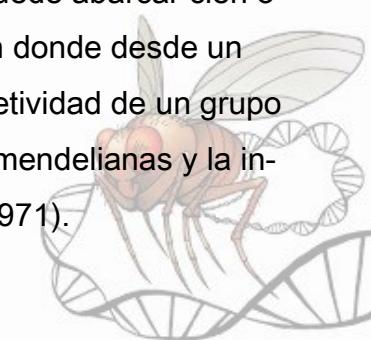
$$\text{Probabilidad doble mutante: } \frac{2}{16} = \frac{1}{8}$$

$$\text{Probabilidad otros fenotipos: } \frac{14}{16} = \frac{7}{8}$$

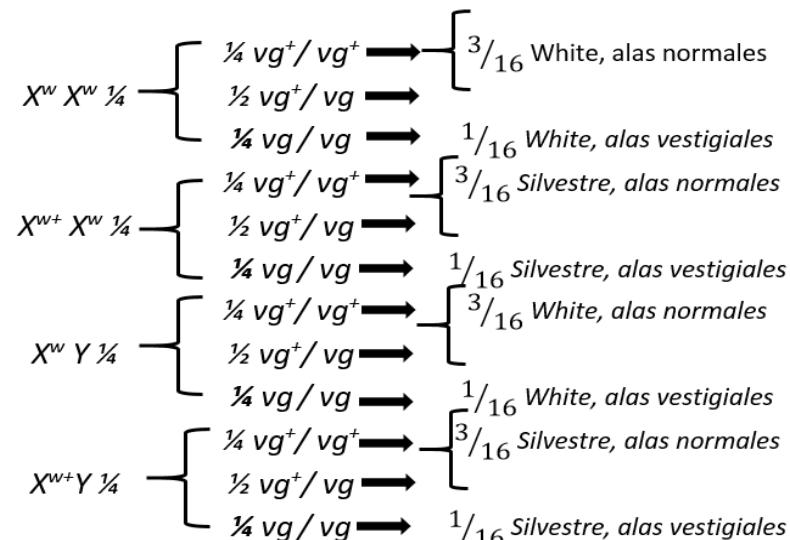
En total existe una probabilidad de $1/7$ de obtener individuos dobles mutantes, en toda la progenie de la F2.

PEDIGREE

Un análisis de pedigree establece la presencia o ausencia de un mecanismo genético para la manifestación de una característica en particular o grupos de características, para aclarar si este carácter está presente, como también clasificar los individuos por su genotipo. Un pedigree típico puede abarcar cien o tantos individuos dentro de cuatro o más generaciones, en donde desde un punto genético, se obtenga información del nivel de competitividad de un grupo numeroso de individuos, en que se representen las leyes mendelianas y la interacciones génicas correspondientes (Elston y Stewart, 1971).



Ejemplo: A partir de las siguientes proporciones de F2 de un cruce dihíbrido directo entre una hembra white y un macho vestigial, determinar la probabilidad de obtener un individuos doble mutante en toda la progenie.



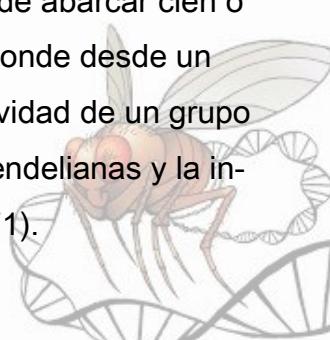
$$\text{Probabilidad doble mutante: } \frac{2}{16} = \frac{1}{8}$$

$$\text{Probabilidad otros fenotipos: } \frac{14}{16} = \frac{7}{8}$$

En total existe una probabilidad de $1/7$ de obtener individuos dobles mutantes, en toda la progenie de la F2.

PEDIGREE

Un análisis de pedigree establece la presencia o ausencia de un mecanismo genético para la manifestación de una característica en particular o grupos de características, para aclarar si este carácter está presente, como también clasificar los individuos por su genotipo. Un pedigree típico puede abarcar cien o tantos individuos dentro de cuatro o más generaciones, en donde desde un punto genético, se obtenga información del nivel de competitividad de un grupo numeroso de individuos, en que se representen las leyes mendelianas y la interacciones génicas correspondientes (Elston y Stewart, 1971).



Ejemplo: (A) ¿Cómo es la descendencia de un cruce entre una hembra silvestre (ojos rojos) y un macho white (ojos blancos)? (B) ¿Cómo es la descendencia de un cruce entre una hembra white (ojos blancos) y un macho silvestre (ojos rojos)? (Figura 9)

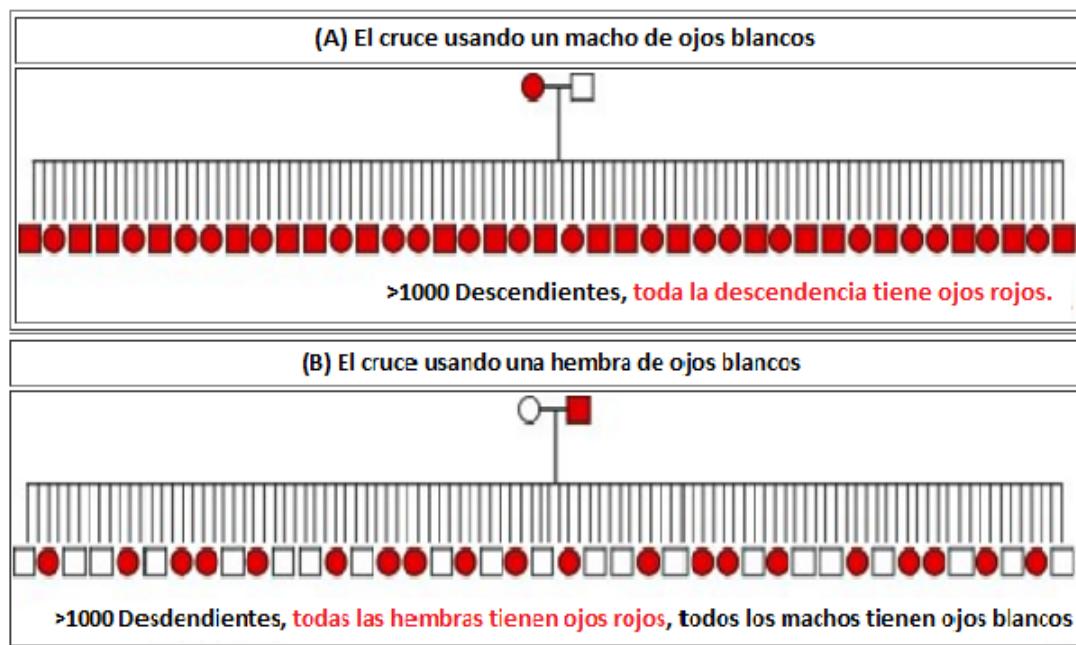


Figura 9. Tomado y modificado de Indiana University, 2016.

Ejemplo: (A) ¿Cómo es la descendencia de un cruce entre una hembra silvestre (ojos rojos) y un macho white (ojos blancos)? (B) ¿Cómo es la descendencia de un cruce entre una hembra white (ojos blancos) y un macho silvestre (ojos rojos)? (Figura 9)

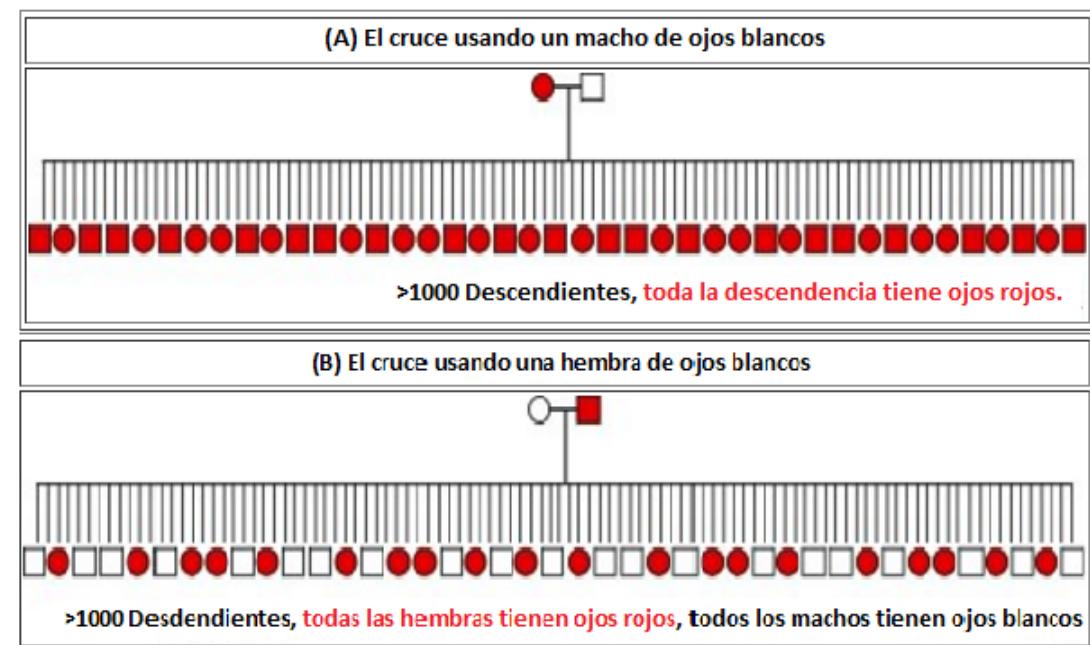
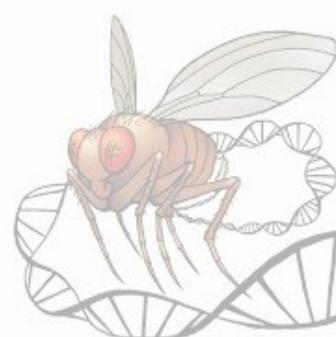
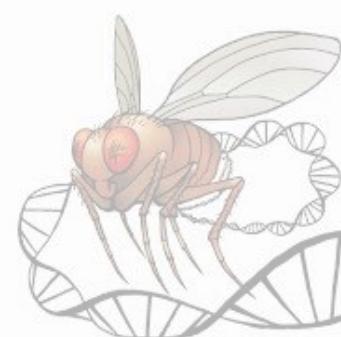


Figura 9. Tomado y modificado de Indiana University, 2016.



DETERMINACIÓN SEXUAL

En *D. melanogaster*, la razón X:A es la primera señal genética que determina el desarrollo sexual. El cromosoma Y de los machos no juega ningún papel en dicho proceso. La señal X:A actúa sobre el gen Sex-lethal (*Sxl*) determinando su estado de actividad: en hembras, *Sxl* será activado, mientras que en machos *Sx/no* será activado. Una vez que el estado de actividad de *Sx/está definido*, la señal X:A no se usa nunca más, y el desarrollo sexual y la compensación de dosis génica quedan bajo el control del gen *Sxl*, cuyo estado de actividad se mantiene por autorregulación positiva (Sánchez, 1997).

En *Drosophila* la determinación del sexo depende de este sistema. XY son machos normales, y XX hembras normales (Figura 10). La presencia del cromosoma Y no es necesaria para el desarrollo de los individuos como machos, pero sí es imprescindible para que los machos tengan espermatogénesis, siendo estériles los individuos AAXO. Así mismo, la presencia del cromosoma Y tampoco impide la fertilidad de las hembras, por lo que los individuos AAXXY son fértiles (Figura 11) (Oliván, 2009).

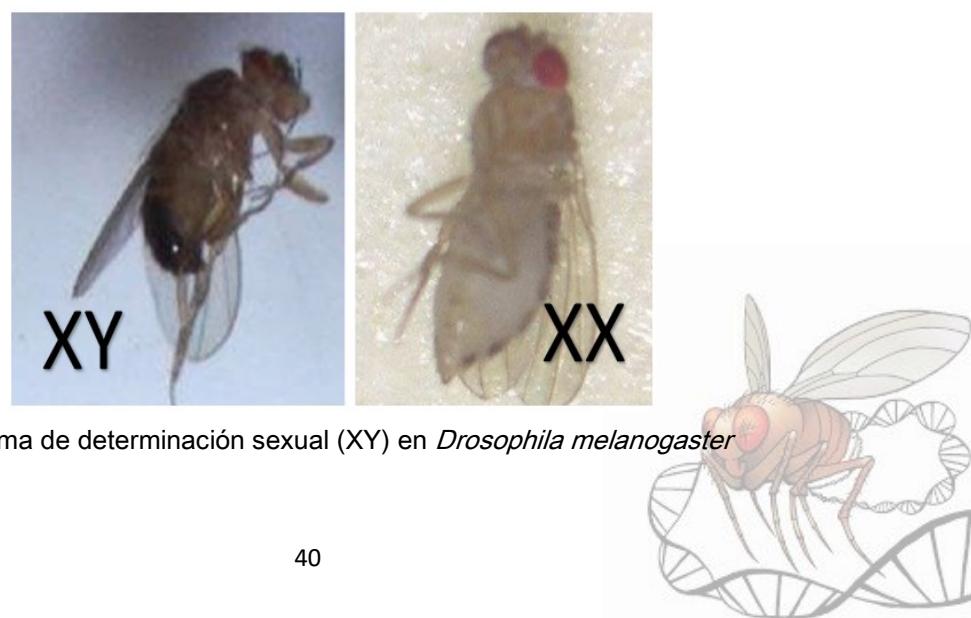


Figura 10. Sistema de determinación sexual (XY) en *Drosophila melanogaster*

DETERMINACIÓN SEXUAL

En *D. melanogaster*, la razón X:A es la primera señal genética que determina el desarrollo sexual. El cromosoma Y de los machos no juega ningún papel en dicho proceso. La señal X:A actúa sobre el gen Sex-lethal (*Sxl*) determinando su estado de actividad: en hembras, *Sxl* será activado, mientras que en machos *Sx/no* será activado. Una vez que el estado de actividad de *Sx/está definido*, la señal X:A no se usa nunca más, y el desarrollo sexual y la compensación de dosis génica quedan bajo el control del gen *Sxl*, cuyo estado de actividad se mantiene por autorregulación positiva (Sánchez, 1997).

En *Drosophila* la determinación del sexo depende de este sistema. XY son machos normales, y XX hembras normales (Figura 10). La presencia del cromosoma Y no es necesaria para el desarrollo de los individuos como machos, pero sí es imprescindible para que los machos tengan espermatogénesis, siendo estériles los individuos AAXO. Así mismo, la presencia del cromosoma Y tampoco impide la fertilidad de las hembras, por lo que los individuos AAXXY son fértiles (Figura 11) (Oliván, 2009).

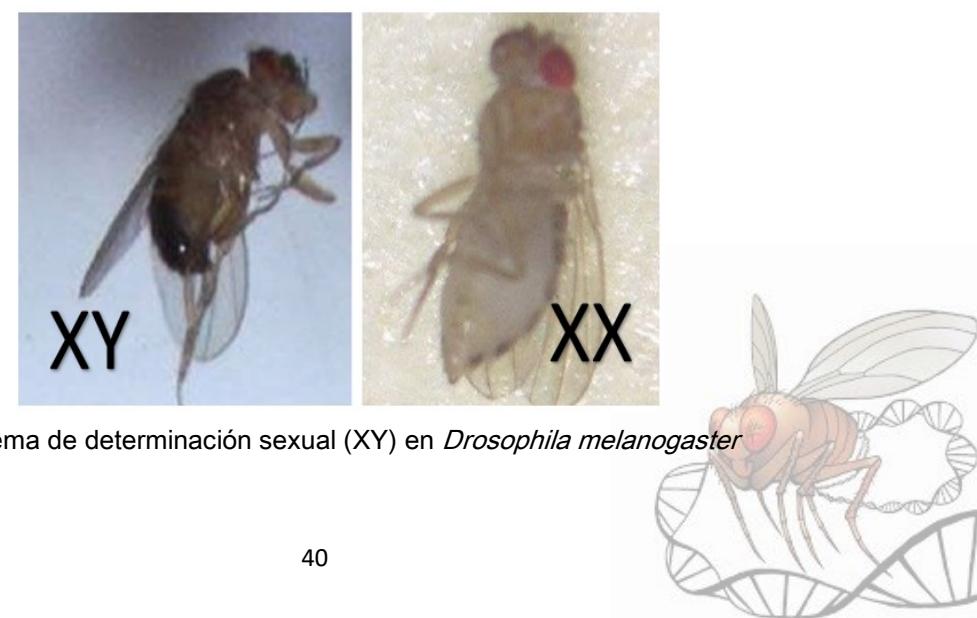


Figura 10. Sistema de determinación sexual (XY) en *Drosophila melanogaster*

Complemento cromosómico sexual	Juegos de autosomas haploides	Proporción X:A	Fenotipo sexual
XX	AA	1,0	Hembra
XY	AA	0,5	Macho
XO	AA	0,5	Macho
XXY	AA	1,0	Hembra
XXX	AA	1,5	Metahembra
XXY	AA	1,5	Metahembra
XX	AAA	0,67	Fenotipo intersexual
XO	AAA	0,33	Metamacho
XXXX	AAA	1,3	Metahembra

Figura 11. Complementos cromosómicos y fenotipos sexuales en *Drosophila* (Tomado y modificado de Pierce, 2009)

LOS GENES DE LA DETERMINACIÓN SEXUAL

En *D. melanogaster*, la regulación de los genes responsables de la determinación sexual ocurre por "splicing" alternativo de sus productos. El gen *Sx*/ controla el "splicing" del premRNA del gen transformer (*tra*): el transcripto primario de este gen sufre un "splicing" alternativo en hembras y machos, de modo que se produce proteína Tra funcional en las hembras y no en los machos. (Sánchez, 1997).

LOS GENES DE LA COMPENSACIÓN DE DOSIS GÉNICA

En *D. melanogaster*, los genes male-specific lethals (*ms/s*) son los responsables de la hipertranscripción del cromosoma X de los machos (Sánchez, 1997).



Complemento cromosómico sexual	Juegos de autosomas haploides	Proporción X:A	Fenotipo sexual
XX	AA	1,0	Hembra
XY	AA	0,5	Macho
XO	AA	0,5	Macho
XXY	AA	1,0	Hembra
XXX	AA	1,5	Metahembra
XXY	AA	1,5	Metahembra
XX	AAA	0,67	Fenotipo intersexual
XO	AAA	0,33	Metamacho
XXXX	AAA	1,3	Metahembra

Figura 11. Complementos cromosómicos y fenotipos sexuales en *Drosophila* (Tomado y modificado de Pierce, 2009)

LOS GENES DE LA DETERMINACIÓN SEXUAL

En *D. melanogaster*, la regulación de los genes responsables de la determinación sexual ocurre por "splicing" alternativo de sus productos. El gen *Sx*/ controla el "splicing" del premRNA del gen transformer (*tra*): el transcripto primario de este gen sufre un "splicing" alternativo en hembras y machos, de modo que se produce proteína Tra funcional en las hembras y no en los machos. (Sánchez, 1997).

LOS GENES DE LA COMPENSACIÓN DE DOSIS GÉNICA

En *D. melanogaster*, los genes male-specific lethals (*ms/s*) son los responsables de la hipertranscripción del cromosoma X de los machos (Sánchez, 1997).



VARIABILIDAD GENÉTICA

En una población de *Drosophila* como en cualquier otra población, los individuos no son iguales en sus características, existe variación. Esta variación puede estar determinada por los genes y su diversidad alélica, estudiada en genética de poblaciones (León, 2012).

Por efecto de estudio se consideran fuentes de variación: La mutación, Recombinación y la hibridación. En donde se necesita de la selección natural o deriva genética para que se produzcan los cambios adaptativos (Donoso, Premoli, Gallo e Ipinza, 2004).

Las mutaciones son cambios en la estructura molecular de los genes y a aberraciones cromosómicas, consideradas como la fuente última de variación genética. La recombinación genética es la fuente inmediata de variación, esta permite la combinación de nuevas características de individuos de la misma especie y disemina la variabilidad producida por mutaciones viables, las que quedan expuestas al proceso de selección natural, produciendo nuevos fenotipos (Donoso, Premoli, Gallo e Ipinza, 2004).

POLIFORMISMO

El polimorfismo genético se presenta en la naturaleza a causa de que en el archivo como en la reproducción del material genético de todas las células ocurren errores y accidentes aleatorios alterando la secuencia nucleotídica, es decir, creando mutaciones (Alberts et al. 2002).



VARIABILIDAD GENÉTICA

En una población de *Drosophila* como en cualquier otra población, los individuos no son iguales en sus características, existe variación. Esta variación puede estar determinada por los genes y su diversidad alélica, estudiada en genética de poblaciones (León, 2012).

Por efecto de estudio se consideran fuentes de variación: La mutación, Recombinación y la hibridación. En donde se necesita de la selección natural o deriva genética para que se produzcan los cambios adaptativos (Donoso, Premoli, Gallo e Ipinza, 2004).

Las mutaciones son cambios en la estructura molecular de los genes y a aberraciones cromosómicas, consideradas como la fuente última de variación genética. La recombinación genética es la fuente inmediata de variación, esta permite la combinación de nuevas características de individuos de la misma especie y disemina la variabilidad producida por mutaciones viables, las que quedan expuestas al proceso de selección natural, produciendo nuevos fenotipos (Donoso, Premoli, Gallo e Ipinza, 2004).

POLIFORMISMO

El polimorfismo genético se presenta en la naturaleza a causa de que en el archivo como en la reproducción del material genético de todas las células ocurren errores y accidentes aleatorios alterando la secuencia nucleotídica, es decir, creando mutaciones (Alberts et al. 2002).



MUTACIONES SOMÁTICAS

Especialmente importante en las plantas, se representan como cambios bruscos en la estructura de la célula o de un grupo de células y llegan a formar un órgano diferente al resto. Encontramos las quimeras, en las cuales se observan cambios solo externos en las quimeras periclinales, cambios en toda una zona dada por las quimeras sectoriales sectoriales y cambios en solo una zona externamente para quimeras mericliniales (León, 1968).

MUTACIONES GÉNICAS

Son aquellas que afectan a una sola base o un número relativamente pequeño de bases, se encuentran las inserciones, delecciones y sustituciones encontradas las transversiones y transiciones definidas por cambios de una purina a pirimidina o viceversa, como por cambios entre purinas o pirimidinas respectivamente (Oliva et al. 2004).

MUTACIONES SILENCIOSAS

Se producen en regiones no críticas para la función de los genes (Oliva et al. 2004)

MUTACIONES SIN SENTIDO

No afectan la secuencia de aminoácidos sino que la sustitución genera un codón de stop (UAA, UAG, UGA) (Oliva et al. 2004).

MUTACIONES NO SINÓNIMAS O DE SENTIDO

La sustitución de un aminoácido que afecta la función de la proteína (Oliva et al. 2004)

MUTACIONES SINÓNIMAS

La sustitución de un aminoácido que no afecta la naturaleza química de la proteína (Figura 12) (Oliva et al. 2004)

MUTACIONES SOMÁTICAS

Especialmente importante en las plantas, se representan como cambios bruscos en la estructura de la célula o de un grupo de células y llegan a formar un órgano diferente al resto. Encontramos las quimeras, en las cuales se observan cambios solo externos en las quimeras periclinales, cambios en toda una zona dada por las quimeras sectoriales sectoriales y cambios en solo una zona externamente para quimeras mericliniales (León, 1968).

MUTACIONES GÉNICAS

Son aquellas que afectan a una sola base o un número relativamente pequeño de bases, se encuentran las inserciones, delecciones y sustituciones encontradas las transversiones y transiciones definidas por cambios de una purina a pirimidina o viceversa, como por cambios entre purinas o pirimidinas respectivamente (Oliva et al. 2004).

MUTACIONES SILENCIOSAS

Se producen en regiones no críticas para la función de los genes (Oliva et al. 2004)

MUTACIONES SIN SENTIDO

No afectan la secuencia de aminoácidos sino que la sustitución genera un codón de stop (UAA, UAG, UGA) (Oliva et al. 2004).

MUTACIONES NO SINÓNIMAS O DE SENTIDO

La sustitución de un aminoácido que afecta la función de la proteína (Oliva et al. 2004)

MUTACIONES SINÓNIMAS

La sustitución de un aminoácido que no afecta la naturaleza química de la proteína (Figura 12) (Oliva et al. 2004)

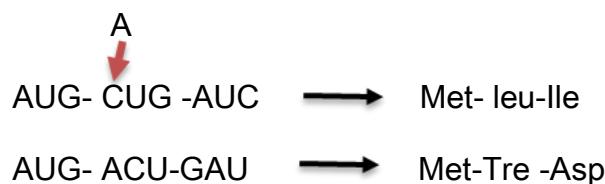


Mutación silenciosa	Mutación con cambio de sentido	Mutación sin sentido
ATG GAA GCA CGT Met Glu Ala Gly	ATG GAA GCA CGT Met Glu Ala Gly	ATG GAA GCA CGT Met Glu Ala Gly
ATG GAG GCA CGT Met Glu Ala Gly	ATG GAC GCA CGT Met Asp Ala Gly	ATG TAA GCA CGT Met STOP

Figura 12. Mutaciones génicas puntuales: Mutación silenciosa, sin sentido y de sentido (Mutaciones ,2010)

ADICIÓN

Cuando se añade una o más bases al DNA original y se esta forma se altera el marco de lectura para formar la proteína (Tipos de mutaciones, 2013)



DELECIÓN

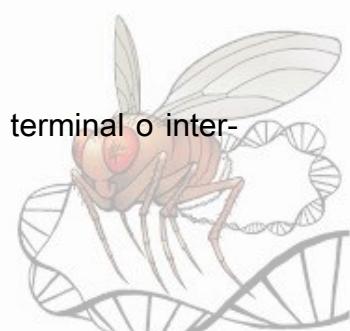
Cuando se pierden una o más bases, es decir, se pierde un trozo de DNA alterando la cadena proteica que debería formarse y su función (Tipos de mutaciones, 2013)

MUTACIONES CROMOSOMALES

Se afecta un segmento del cromosoma y a su estructura, figura. Estas mutaciones pueden ocurrir por:

DELECIÓN

Es la pérdida de un segmento cromosómico, que puede ser terminal o intercalar (Gómez, 2008).

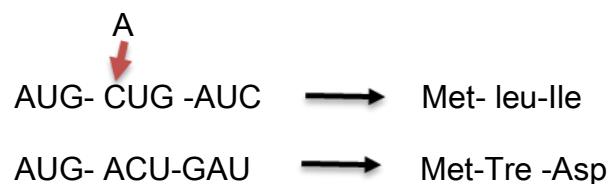


Mutación silenciosa	Mutación con cambio de sentido	Mutación sin sentido
ATG GAA GCA CGT Met Glu Ala Gly	ATG GAA GCA CGT Met Glu Ala Gly	ATG GAA GCA CGT Met Glu Ala Gly
ATG GAG GCA CGT Met Glu Ala Gly	ATG GAC GCA CGT Met Asp Ala Gly	ATG TAA GCA CGT Met STOP

Figura 12. Mutaciones génicas puntuales: Mutación silenciosa, sin sentido y de sentido (Mutaciones ,2010)

ADICIÓN

Cuando se añade una o más bases al DNA original y se esta forma se altera el marco de lectura para formar la proteína (Tipos de mutaciones, 2013)



DELECIÓN

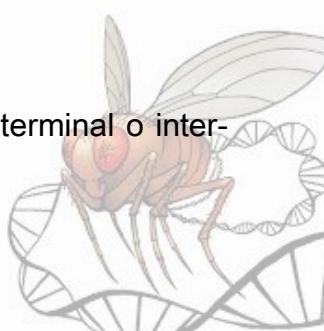
Cuando se pierden una o más bases, es decir, se pierde un trozo de DNA alterando la cadena proteica que debería formarse y su función (Tipos de mutaciones, 2013)

MUTACIONES CROMOSOMALES

Se afecta un segmento del cromosoma y a su estructura, figura. Estas mutaciones pueden ocurrir por:

DELECIÓN

Es la pérdida de un segmento cromosómico, que puede ser terminal o intercalar (Gómez, 2008).



DUPLICACIÓN

Cuando hay un fragmento de DNA que está copiado una o varias veces, lo que altera la formación de la cadena de aminoácidos y la función de la proteína (Figura 13) (Tipos de mutaciones, 2013).

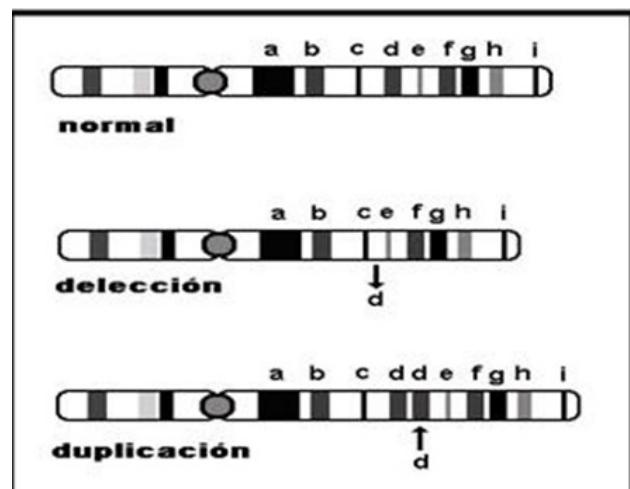


Figura 13. Mutaciones cromosomales: Deleción y duplicación (Gómez, 2008).

INVERSIÓN

Mediante dos giros de 180° dos segmentos de nucleótidos de hebras complementarias se invierten y se intercambian (Figura 14 A y B) (Gómez, 2008)

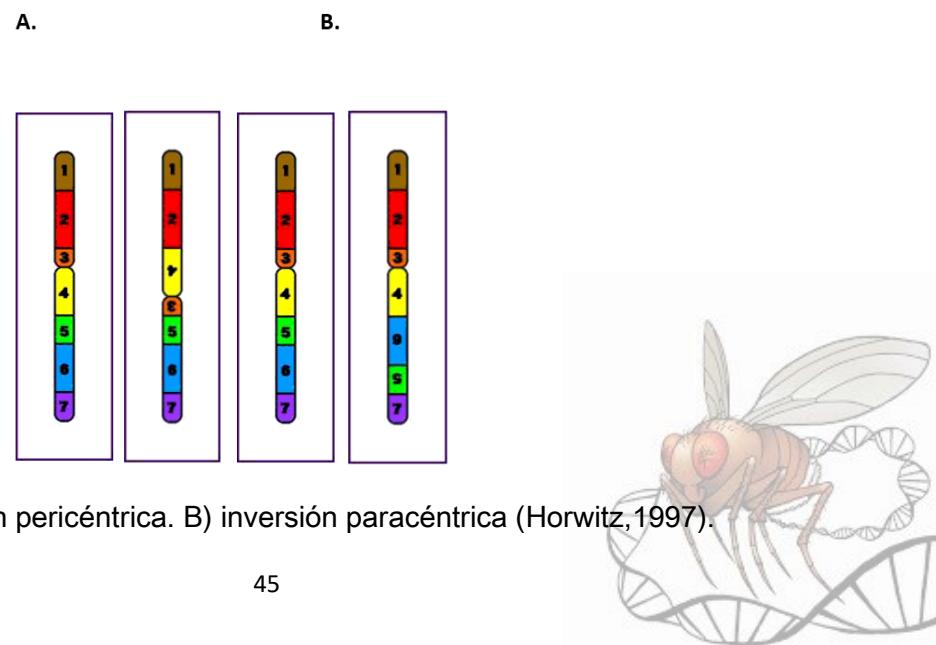


Figura 14. A) Inversión pericéntrica. B) inversión paracéntrica (Horwitz, 1997).

DUPLICACIÓN

Cuando hay un fragmento de DNA que está copiado una o varias veces, lo que altera la formación de la cadena de aminoácidos y la función de la proteína (Figura 13) (Tipos de mutaciones, 2013).

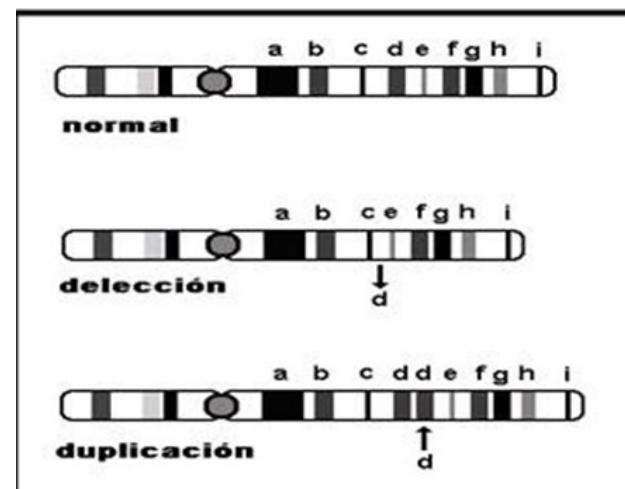


Figura 13. Mutaciones cromosomales: Deleción y duplicación (Gómez, 2008).

INVERSIÓN

Mediante dos giros de 180° dos segmentos de nucleótidos de hebras complementarias se invierten y se intercambian (Figura 14 A y B) (Gómez, 2008)

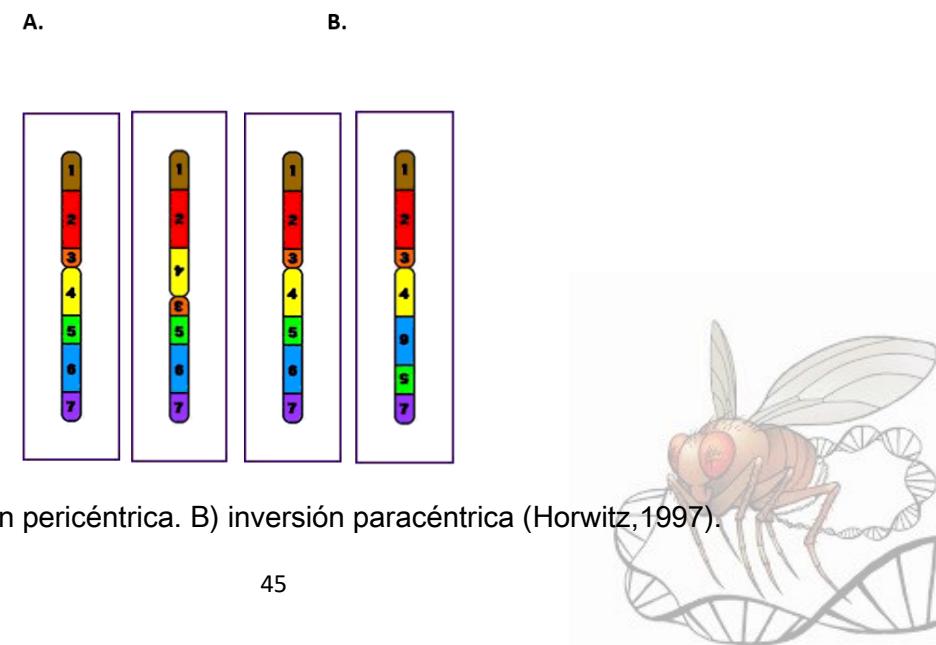


Figura 14. A) Inversión pericéntrica. B) inversión paracéntrica (Horwitz, 1997).

TRANSLOCACIÓN

Se da cuando se cambian los segmentos entre cromosomas no homólogos, que puede ser o no recíproco. Pueden producir abortos tempranos. También se pueden formar portadores de trisomías como la del 21 (Figura 15) (síndrome de Down) (Gómez, 2008)

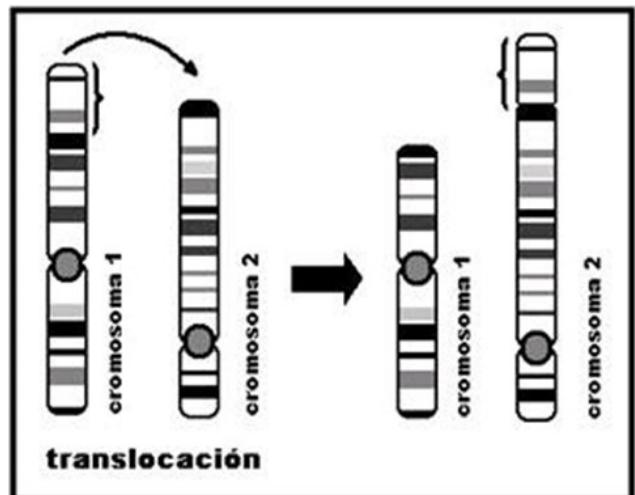


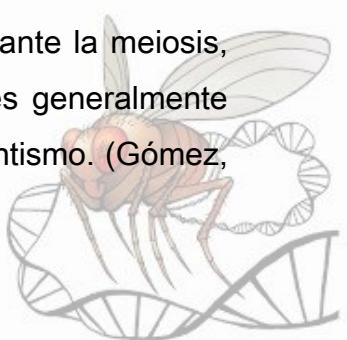
Figura 15. Mutación por translocación (Gómez, 2008)

MUTACIONES GENÓMICAS

EUPLOIDÍA

Afecta en conjunto al genoma, aumentando el número de juegos cromosómicos (poliploidía) o reduciéndolo a una sola serie (haploidía o monoploidía) (Gómez, 2008).

La poliploidía es más frecuente en vegetales que en animales y la monoploidía se da en insectos sociales (zánganos). Estas mutaciones son debidas a errores en la separación de los pares de cromosomas homólogos durante la meiosis, no separándose ninguno de estos. Los organismos poliploides generalmente son más grandes y vigorosos, frecuentemente presentan gigantismo. (Gómez, 2008).



TRANSLOCACIÓN

Se da cuando se cambian los segmentos entre cromosomas no homólogos, que puede ser o no recíproco. Pueden producir abortos tempranos. También se pueden formar portadores de trisomías como la del 21 (Figura 15) (síndrome de Down) (Gómez, 2008)

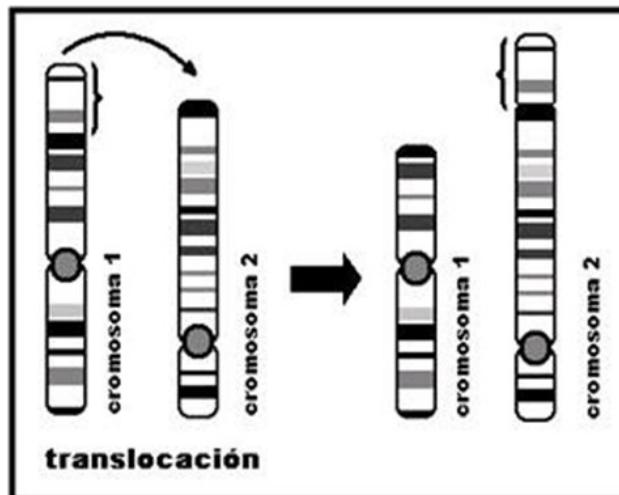


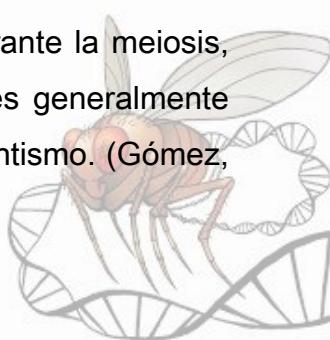
Figura 15. Mutación por translocación (Gómez, 2008)

MUTACIONES GENÓMICAS

EUPLOIDÍA

Afecta en conjunto al genoma, aumentando el número de juegos cromosómicos (poliploidía) o reduciéndolo a una sola serie (haploidía o monoploidía) (Gómez, 2008).

La poliploidía es más frecuente en vegetales que en animales y la monoploidía se da en insectos sociales (zánganos). Estas mutaciones son debidas a errores en la separación de los pares de cromosomas homólogos durante la meiosis, no separándose ninguno de estos. Los organismos poliploides generalmente son más grandes y vigorosos, frecuentemente presentan gigantismo. (Gómez, 2008).



ANEUPLOIDÍA

Afecta al número de cromosomas individualmente (por defecto o por exceso). Se debe al fenómeno de no disyunción (que ocurre durante la meiosis cuando los cromosomas homólogos no se separan y ambos se incorporan a un mismo gameto) (Gómez, 2008).

GENÉTICA CUANTITATIVA

La principal diferencia que existe entre los caracteres cualitativos y los cuantitativos, se basa en el número de genes que contribuyen a la variabilidad fenotípica y el grado de modificación del fenotipo por medio de factores ambientales, figura . Los caracteres cuantitativos pueden ser codificados por muchos genes (quizá de 10 a 100 o más), contribuyendo al fenotipo con tan pequeña cantidad cada uno, que sus efectos individuales no pueden ser detectados por los métodos mendelianos. Los genes de esta naturaleza son denominados poligenes, loci de caracteres cuantitativos o QTLs (quantitative trait loci). En muchos casos, la mayor parte de la variación genética del carácter cuantitativo puede atribuirse a los efectos principales de, relativamente, pocos loci y a efectos pleiotrópicos menores (Ramírez y Egaña, 2003).

Los caracteres mendelianos cualitativos, es decir, de fácil clasificación en diferentes categorías fenotípicas. Por ejemplo, el carácter "pigmentación de los ojos" en *Drosophila melanogaster*, se distingue perfectamente ojos rojos frente a ojos blancos. Estos diferentes fenotipos están bajo control genético de uno o varios genes expuestos a pocas o a ninguna modificación ambiental que pueda alterar sus efectos (Tabla 4)(Ramírez y Egaña, 2003).



ANEUPLOIDÍA

Afecta al número de cromosomas individualmente (por defecto o por exceso). Se debe al fenómeno de no disyunción (que ocurre durante la meiosis cuando los cromosomas homólogos no se separan y ambos se incorporan a un mismo gameto) (Gómez, 2008).

GENÉTICA CUANTITATIVA

La principal diferencia que existe entre los caracteres cualitativos y los cuantitativos, se basa en el número de genes que contribuyen a la variabilidad fenotípica y el grado de modificación del fenotipo por medio de factores ambientales, figura . Los caracteres cuantitativos pueden ser codificados por muchos genes (quizá de 10 a 100 o más), contribuyendo al fenotipo con tan pequeña cantidad cada uno, que sus efectos individuales no pueden ser detectados por los métodos mendelianos. Los genes de esta naturaleza son denominados poligenes, loci de caracteres cuantitativos o QTLs (quantitative trait loci). En muchos casos, la mayor parte de la variación genética del carácter cuantitativo puede atribuirse a los efectos principales de, relativamente, pocos loci y a efectos pleiotrópicos menores (Ramírez y Egaña, 2003).

Los caracteres mendelianos cualitativos, es decir, de fácil clasificación en diferentes categorías fenotípicas. Por ejemplo, el carácter "pigmentación de los ojos" en *Drosophila melanogaster*, se distingue perfectamente ojos rojos frente a ojos blancos. Estos diferentes fenotipos están bajo control genético de uno o varios genes expuestos a pocas o a ninguna modificación ambiental que pueda alterar sus efectos (Tabla 4)(Ramírez y Egaña, 2003).



Tabla 4. Diferencias entre la genética cualitativa y la cuantitativa (Tomado y modificado de Ramírez y Egaña, 2003).

GENÉTICA CUALITATIVA	GENÉTICA CUANTITATIVA
1. Caracteres de clase. Variación discontinua, diferentes clases fenotípicas. 2. Efectos patentes de un solo gen. Genes mayores. 3. Se estudian apareamientos individuales y su progenie. 4. El análisis es por medio de cálculos de proporciones y relaciones.	1. Caracteres de grado. 2. Variación continua. Las determinaciones fenotípicas muestran un espectro o gama. 3. Control poligénico, los efectos de los genes individuales son difícilmente detectables. Genes menores. 4. Se estudian poblaciones y todos los tipos de cruzamientos. 5. El análisis es de tipo estadístico, proporcionando cálculos aproximados de los parámetros de las poblaciones.

Ejemplo: A partir de una muestra natural de *Drosophila suboscura* se obtuvieron por selección dos líneas que diferían en la longitud de las alas estimada como la longitud de varias de las venas que muestran las alas de estos insectos. En una de las líneas los machos presentaban en promedio alas de 64 μm de longitud, y en las otras alas de 86 μm . La varianza fenotípica observada en cada línea fue de $1,25 \mu\text{m}^2$. Cuando se cruzaron y se obtuvo la F2, se observó que la varianza fenotípica fue de $10,24 \mu\text{m}^2$. Suponiendo que la longitud del ala en los machos sigue una herencia poligénica puramente aditiva y que las dos líneas se pueden considerar puras:



Tabla 4. Diferencias entre la genética cualitativa y la cuantitativa (Tomado y modificado de Ramírez y Egaña, 2003).

GENÉTICA CUALITATIVA	GENÉTICA CUANTITATIVA
1. Caracteres de clase. Variación discontinua, diferentes clases fenotípicas. 2. Efectos patentes de un solo gen. Genes mayores. 3. Se estudian apareamientos individuales y su progenie. 4. El análisis es por medio de cálculos de proporciones y relaciones.	1. Caracteres de grado. 2. Variación continua. Las determinaciones fenotípicas muestran un espectro o gama. 3. Control poligénico, los efectos de los genes individuales son difícilmente detectables. Genes menores. 4. Se estudian poblaciones y todos los tipos de cruzamientos. 5. El análisis es de tipo estadístico, proporcionando cálculos aproximados de los parámetros de las poblaciones.

Ejemplo: A partir de una muestra natural de *Drosophila suboscura* se obtuvieron por selección dos líneas que diferían en la longitud de las alas estimada como la longitud de varias de las venas que muestran las alas de estos insectos. En una de las líneas los machos presentaban en promedio alas de 64 μm de longitud, y en las otras alas de 86 μm . La varianza fenotípica observada en cada línea fue de $1,25 \mu\text{m}^2$. Cuando se cruzaron y se obtuvo la F2, se observó que la varianza fenotípica fue de $10,24 \mu\text{m}^2$. Suponiendo que la longitud del ala en los machos sigue una herencia poligénica puramente aditiva y que las dos líneas se pueden considerar puras:



a) Determinar el valor fenotípico para este rasgo en la F1, la F2

b) Calcular la heredabilidad

c) Determinar los valores fenotípicos de los retrocruzamientos entre la F1 y las líneas parentales.

Respuesta

Para resolver este problema es interesante representar los valores fenotípicos y las varianzas en una gráfica donde se enfrenten valor fenotípico (como abscisas) y varianza fenotípica (como ordenadas):

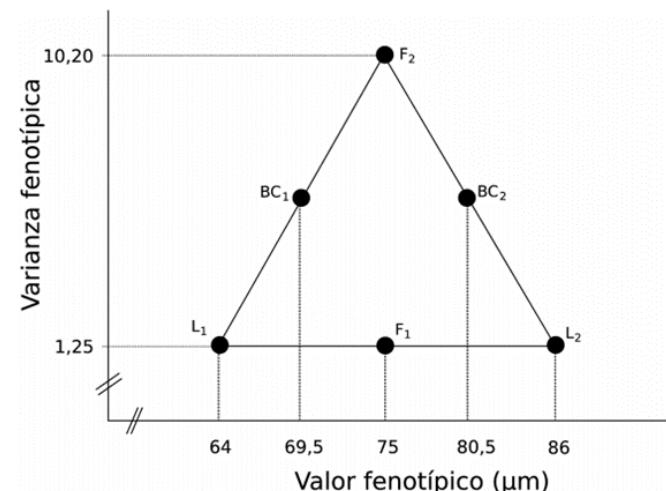
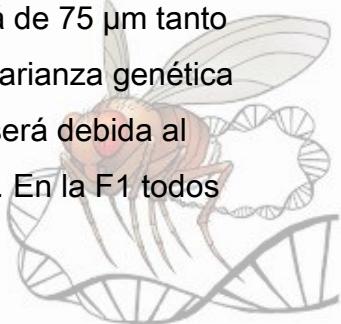


Figura 16. Varianza fenotípica vs valor fenotípico.

Si el carácter se comporta de forma puramente aditiva, entonces el valor fenotípico para las medias de la F1 y la F2 será el mismo y coincidirá con el valor medio entre las dos líneas puras. Así el valor fenotípico medio será de 75 μm tanto para la F1 como para la F2. Si se trata de dos líneas puras, la varianza genética será igual a cero y toda la varianza que muestren estas líneas será debida al ambiente. En este problema, esta varianza equivale a $1,25 \mu\text{m}^2$. En la F1 todos



a) Determinar el valor fenotípico para este rasgo en la F1, la F2

b) Calcular la heredabilidad

c) Determinar los valores fenotípicos de los retrocruzamientos entre la F1 y las líneas parentales.

Respuesta

Para resolver este problema es interesante representar los valores fenotípicos y las varianzas en una gráfica donde se enfrenten valor fenotípico (como abscisas) y varianza fenotípica (como ordenadas):

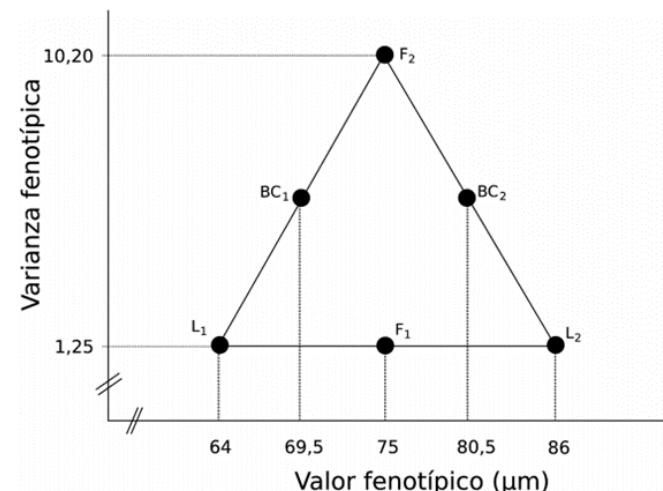
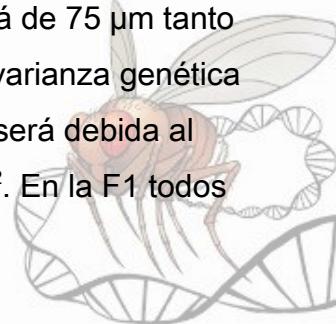


Figura 16. Varianza fenotípica vs valor fenotípico.

Si el carácter se comporta de forma puramente aditiva, entonces el valor fenotípico para las medias de la F1 y la F2 será el mismo y coincidirá con el valor medio entre las dos líneas puras. Así el valor fenotípico medio será de 75 μm tanto para la F1 como para la F2. Si se trata de dos líneas puras, la varianza genética será igual a cero y toda la varianza que muestren estas líneas será debida al ambiente. En este problema, esta varianza equivale a $1,25 \mu\text{m}^2$. En la F1 todos



los individuos son genéticamente homogéneos y su varianza genética también será cero. Sin embargo, en la F2 se producen nuevas combinaciones genéticas y está generación mostrará tanto varianza genética como ambiental. La varianza genética de la F2 será la diferencia entre la varianza total de la F2 y la varianza ambiental (la que muestran tanto L1, como L2 y F1). En este caso la varianza genética es:

$$V_g = V_{PF_2} - V_{PF_1} = 10,20 - 1,25 = 8,95 \mu\text{m}^2$$

Y si conocemos la varianza genética y la varianza total (la varianza fenotípica de la F2), entonces la heredabilidad (H^2) se calcula como:

$$H^2 = \frac{V_g}{V_{TOTAL}} = \frac{8,95}{10,20} = 0,878$$

A partir de la Figura 16 es fácil determinar tanto la varianza total como el valor fenotípico de las progenies obtenidas en los retrocruzamientos entre la F1 y las líneas parentales. Si llamamos a estas progenies BC1 (retrocruzamiento L1 x F1) y BC2 (retrocruzamiento L2 x F1), el valor fenotípico de BC1 se situará en la media entre los valores fenotípicos de L1 y F1, y de forma similar para BC2. Además, la varianza fenotípica para estas progenies se situará en la media entre las varianzas de L1 y de F2, tal y como se indica en la figura. Así, el valor fenotípico para BC1 será 69,5 μm y de 80,5 μm para BC2.

Resultados: (a) Valor fenotípico medio de la F1: 75 μm / Valor fenotípico medio de la F2: 75 μm

(b) Heredabilidad: 0,878

(c) Valor fenotípico medio de la BC1: 69,5 μm / Valor fenotípico medio de la BC2: 80,5 μm

Tomado de Bakkali et al 2011.



los individuos son genéticamente homogéneos y su varianza genética también será cero. Sin embargo, en la F2 se producen nuevas combinaciones genéticas y está generación mostrará tanto varianza genética como ambiental. La varianza genética de la F2 será la diferencia entre la varianza total de la F2 y la varianza ambiental (la que muestran tanto L1, como L2 y F1). En este caso la varianza genética es:

$$V_g = V_{PF_2} - V_{PF_1} = 10,20 - 1,25 = 8,95 \mu\text{m}^2$$

Y si conocemos la varianza genética y la varianza total (la varianza fenotípica de la F2), entonces la heredabilidad (H^2) se calcula como:

$$H^2 = \frac{V_g}{V_{TOTAL}} = \frac{8,95}{10,20} = 0,878$$

A partir de la Figura 16 es fácil determinar tanto la varianza total como el valor fenotípico de las progenies obtenidas en los retrocruzamientos entre la F1 y las líneas parentales. Si llamamos a estas progenies BC1 (retrocruzamiento L1 x F1) y BC2 (retrocruzamiento L2 x F1), el valor fenotípico de BC1 se situará en la media entre los valores fenotípicos de L1 y F1, y de forma similar para BC2. Además, la varianza fenotípica para estas progenies se situará en la media entre las varianzas de L1 y de F2, tal y como se indica en la figura. Así, el valor fenotípico para BC1 será 69,5 μm y de 80,5 μm para BC2.

Resultados: (a) Valor fenotípico medio de la F1: 75 μm / Valor fenotípico medio de la F2: 75 μm

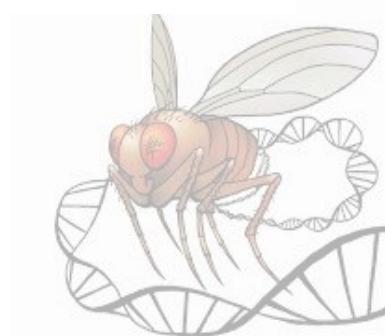
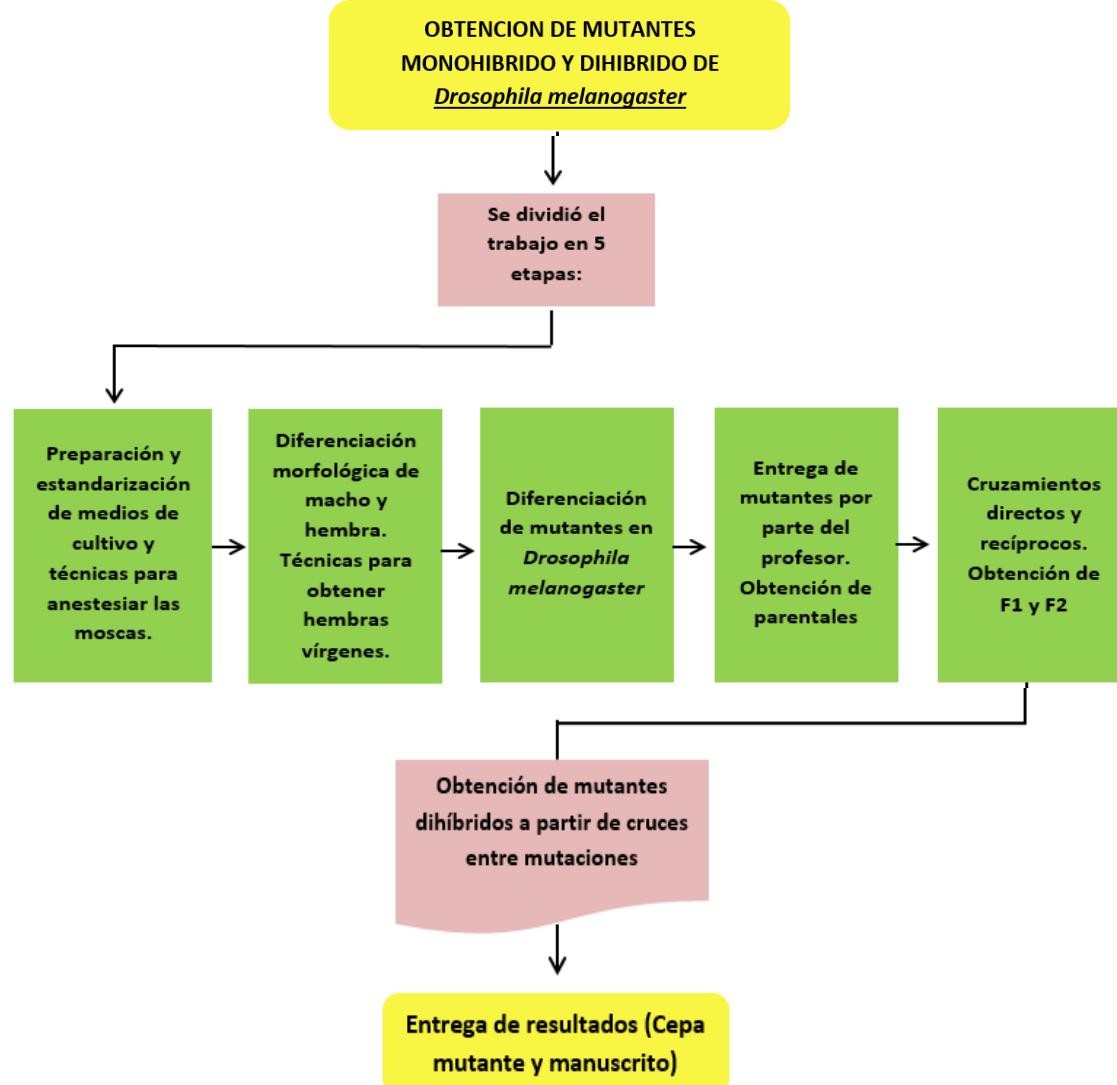
(b) Heredabilidad: 0,878

(c) Valor fenotípico medio de la BC1: 69,5 μm / Valor fenotípico medio de la BC2: 80,5 μm

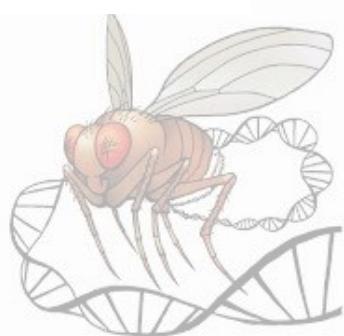
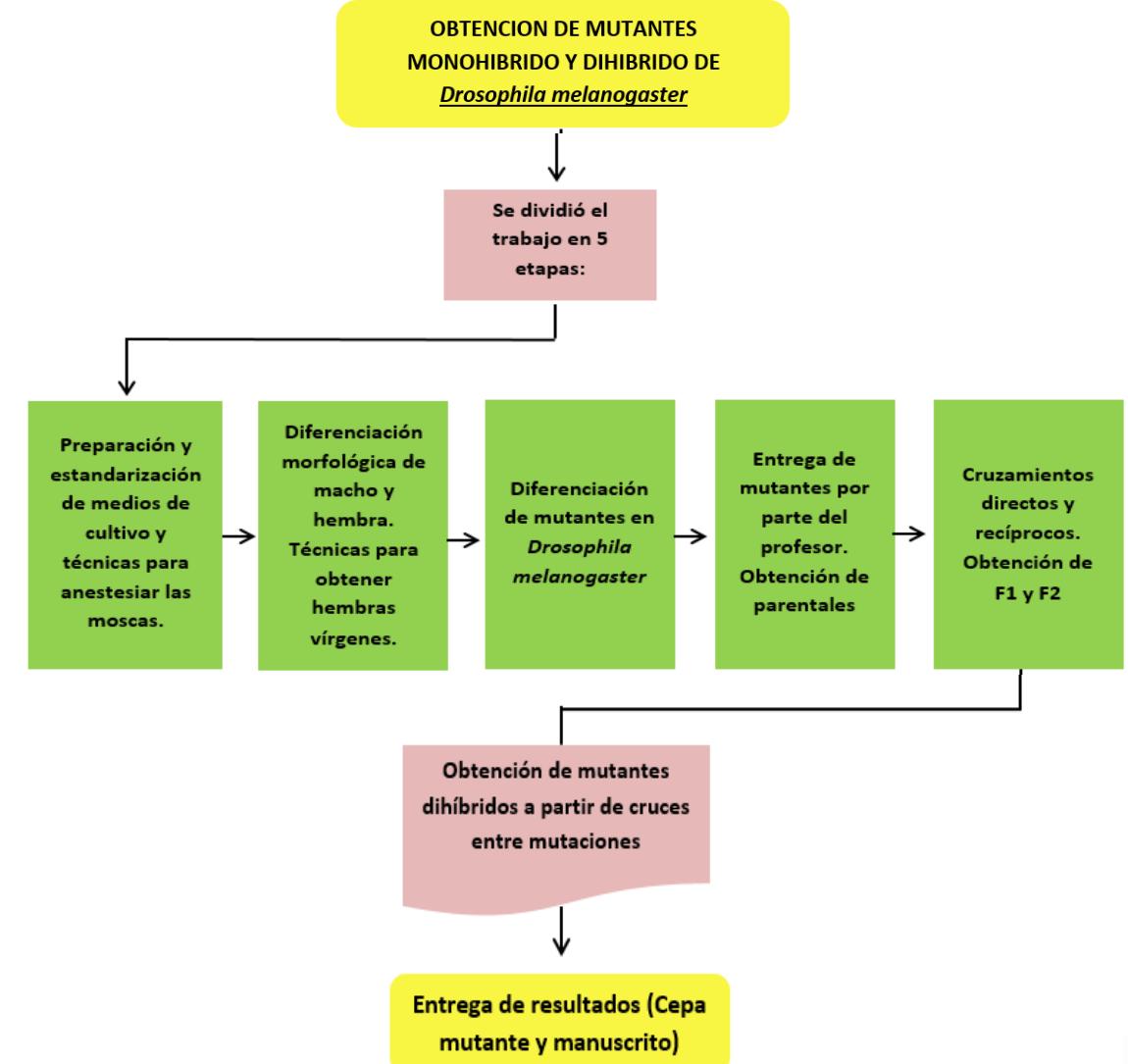
Tomado de Bakkali et al 2011.



METODOLOGÍA



METODOLOGÍA



1. Preparación y estandarización de medios de cultivo y técnicas para anestesiar las moscas.

PREPARACION DE MEDIOS DE CULTIVO



Figura . Materiales para realización de medios de cultivo.

OBTENCIÓN DE MOSCAS DEL MEDIO

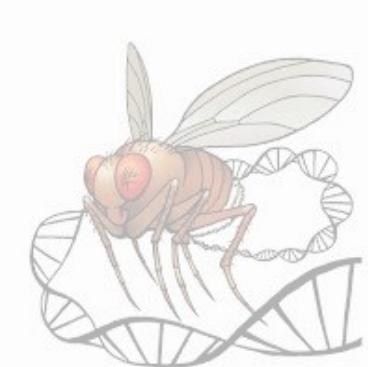


Figura . Ejemplar de macho silvestre al estereoscopio

MÉTODO DE ETERIZACIÓN



Figura . Recipiente contenedor de Éter



1. Preparación y estandarización de medios de cultivo y técnicas para anestesiar las moscas.

PREPARACION DE MEDIOS DE CULTIVO



Figura . Materiales para realización de medios de cultivo.

OBTENCIÓN DE MOSCAS DEL MEDIO

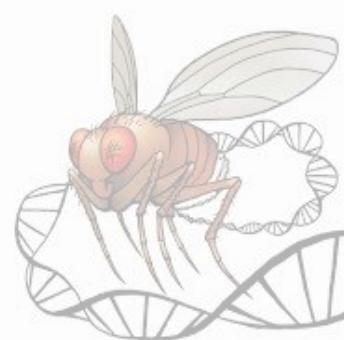


Figura . Ejemplar de macho silvestre al estereoscopio

MÉTODO DE ETERIZACIÓN



Figura . Recipiente contenedor de Éter



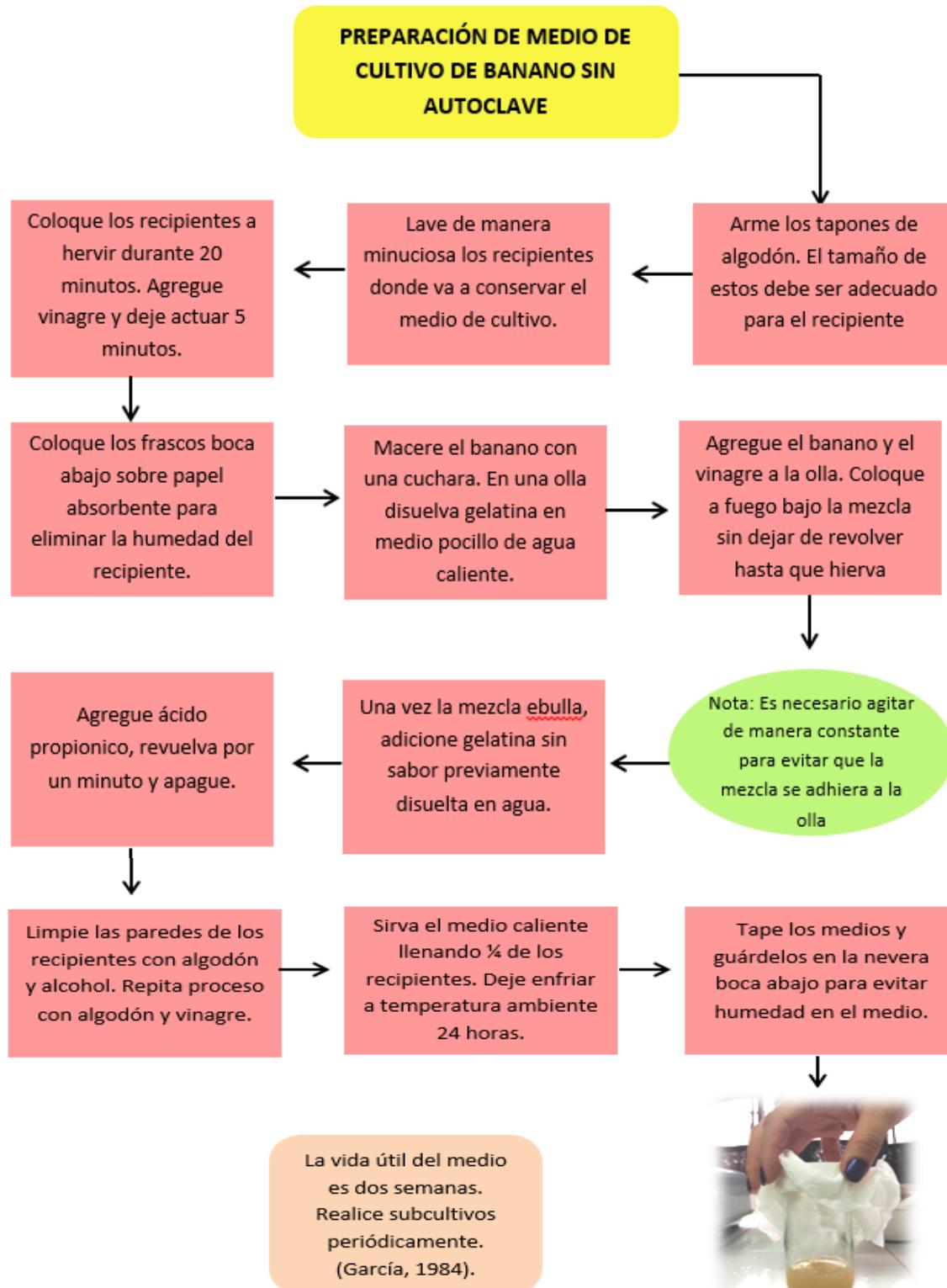


Fig. 4. Medio de cultivo terminado

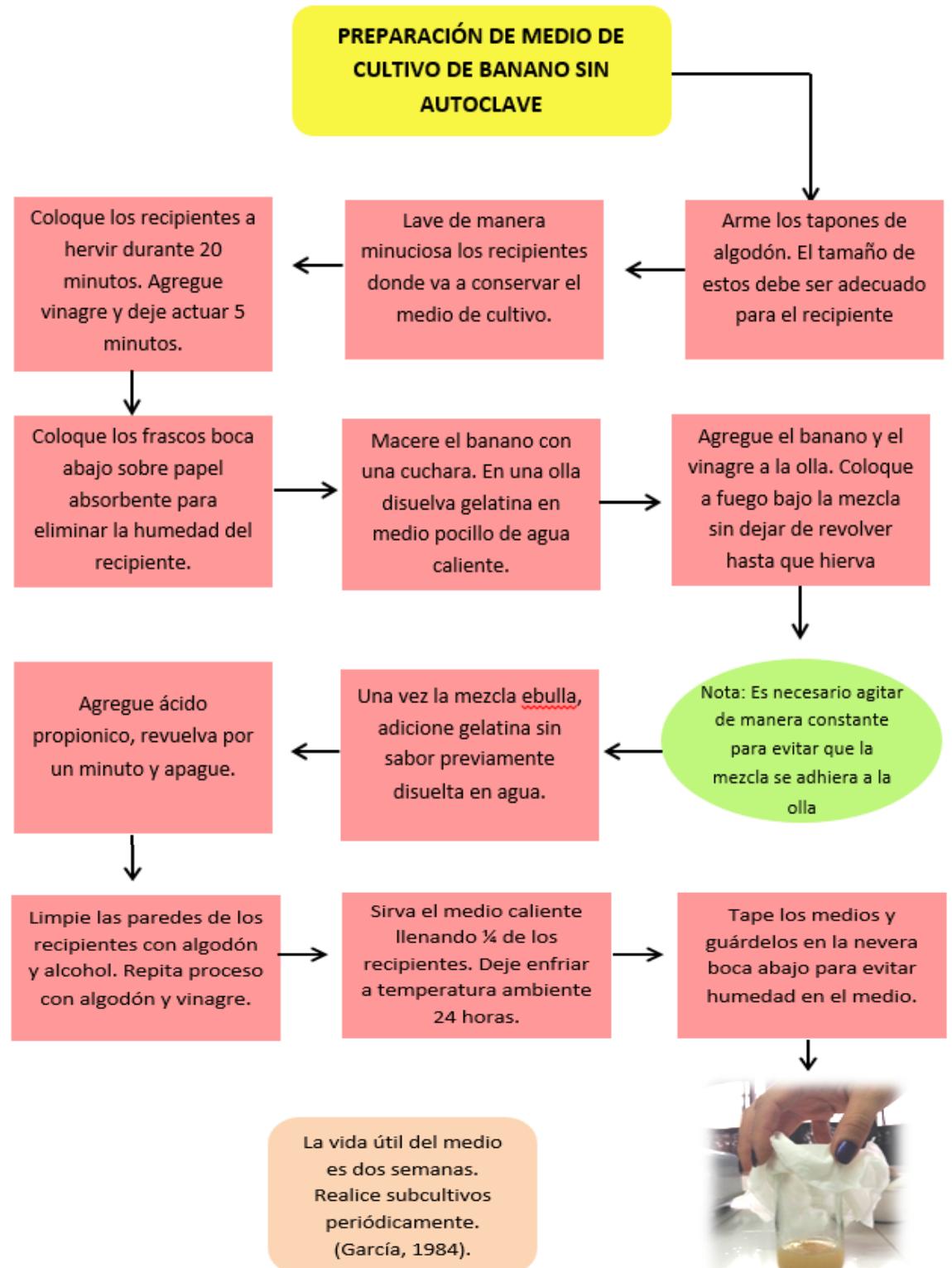


Fig. 4. Medio de cultivo terminado

OBTENCIÓN DE MOSCAS *D. melanogaster* DEL MEDIO NATURAL



En un frasco deje un trozo de fruta expuesto al medio.



Las moscas entrarán al frasco atraídas por la fruta.

Nota: Debe permitir el paso de aire al interior del recipiente



Una vez haya suficientes moscas en el frasco, tápelo con una media sostenida con un caucho

MÉTODO DE ETERIZACIÓN



Abra el recipiente y descarte el algodón. No deje por más de un minuto, las moscas morirán.

Introducir algodón impregnado con éter en el recipiente y taparlo durante un minuto.

Nota: El medio no debe estar líquido, sino las moscas morirán al ser eterizadas



Con cuidado deje caer las moscas en una hoja blanca.

Con un pincel transfiera las moscas al nuevo medio

Tape el medio antes de que las moscas despierten.

OBTENCIÓN DE MOSCAS *D. melanogaster* DEL MEDIO NATURAL



En un frasco deje un trozo de fruta expuesto al medio.



Las moscas entrarán al frasco atraídas por la fruta.

Nota: Debe permitir el paso de aire al interior del recipiente

Una vez haya suficientes moscas en el frasco, tápelo con una media sostenida con un caucho

MÉTODO DE ETERIZACIÓN



Abra el recipiente y descarte el algodón. No deje por más de un minuto, las moscas morirán.

Introducir algodón impregnado con éter en el recipiente y taparlo durante un minuto.

Nota: El medio no debe estar líquido, sino las moscas morirán al ser eterizadas



Con cuidado deje caer las moscas en una hoja blanca.

Con un pincel transfiera las moscas al nuevo medio

Tape el medio antes de que las moscas despierten.

2. Diferenciación morfológica de macho y hembra. Técnicas para obtener hembras vírgenes.

DIFERENCIACIÓN SEXUAL



Fig. 4. Ejemplar de macho y hembra silvestre respectivamente.

2. Diferenciación morfológica de macho y hembra. Técnicas para obtener hembras vírgenes.

DIFERENCIACIÓN SEXUAL



Fig. 4. Ejemplar de macho y hembra silvestre respectivamente.

CICLO DE VIDA DE *D. melanogaster*

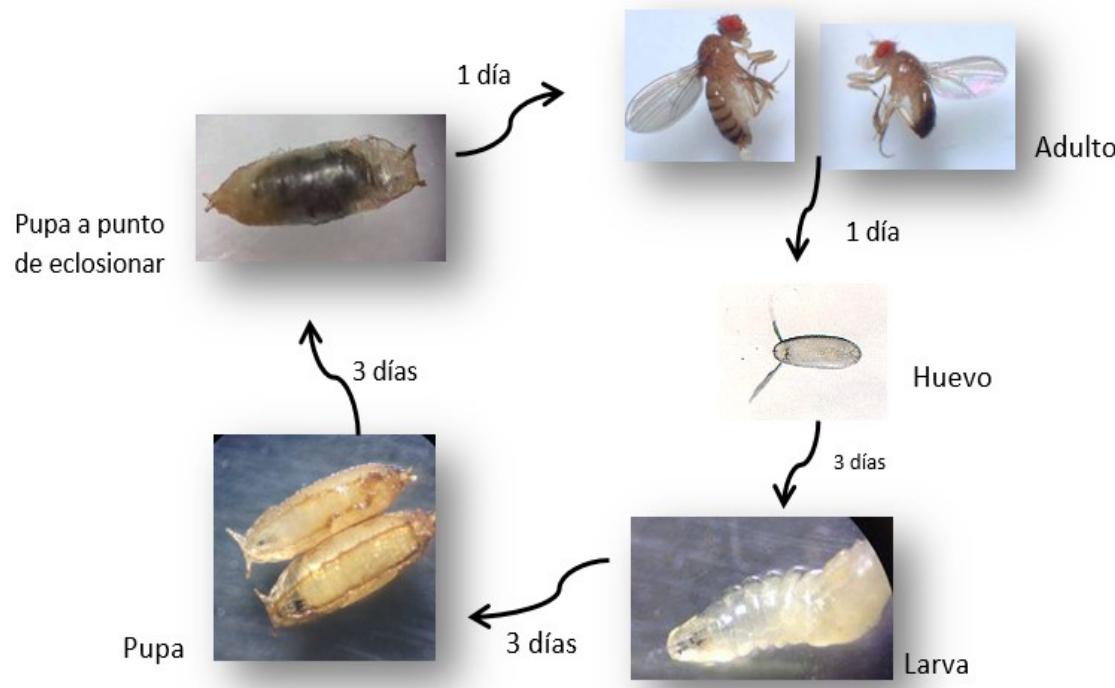


Figura 2. Ciclo de vida *D. melanogaster*

CICLO DE VIDA DE *D. melanogaster*

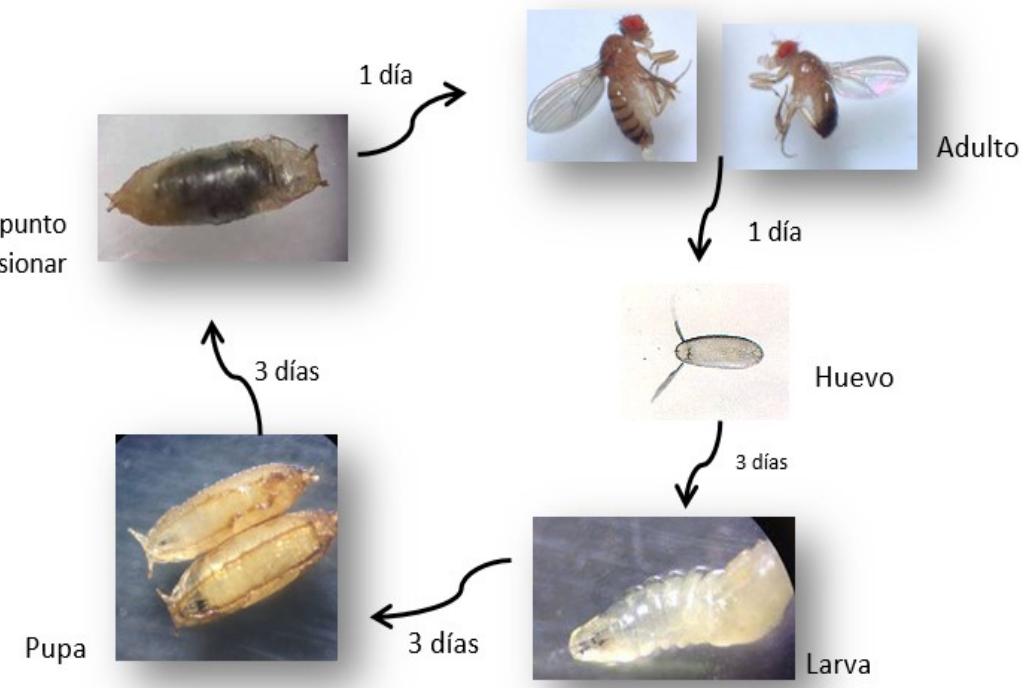
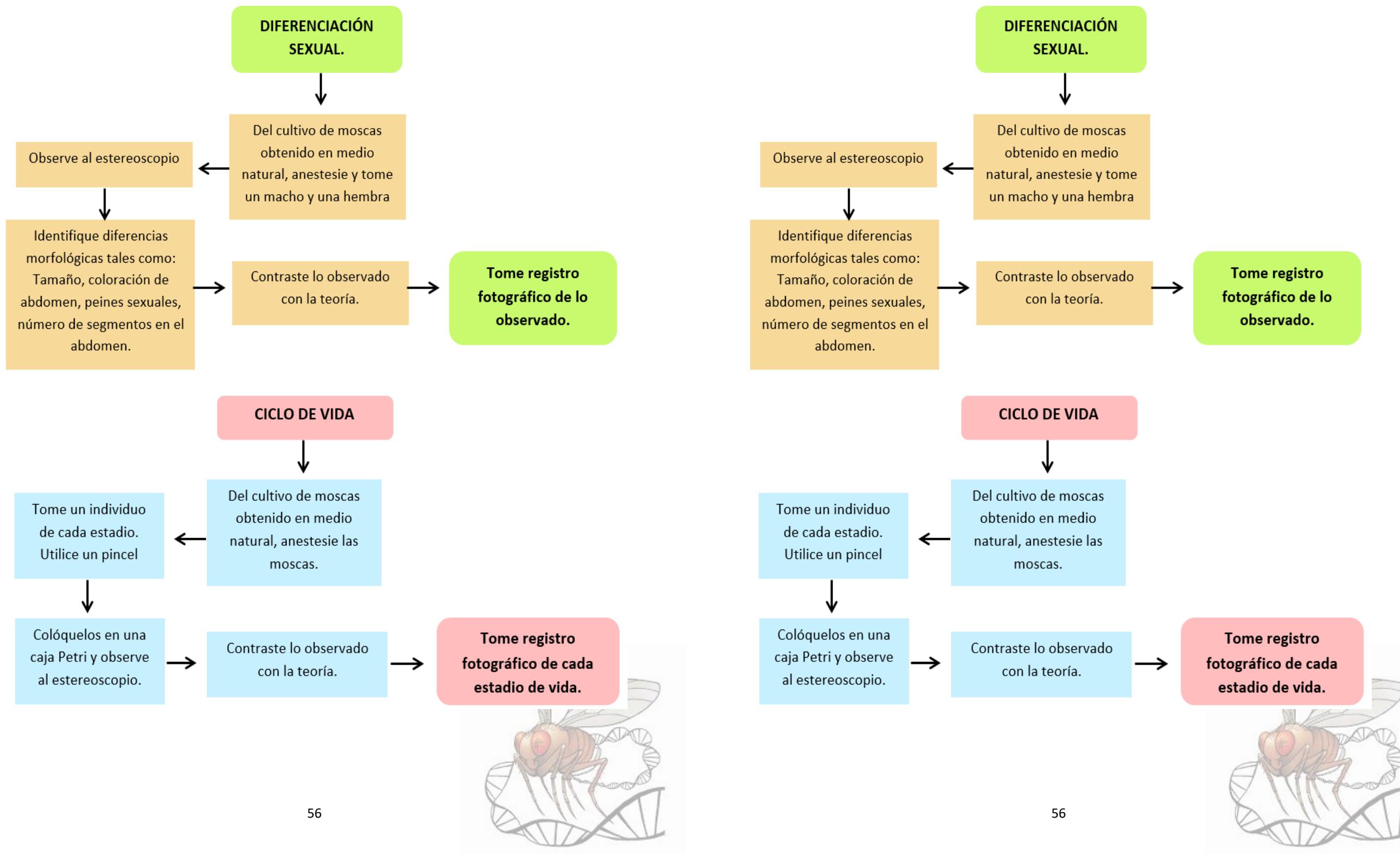
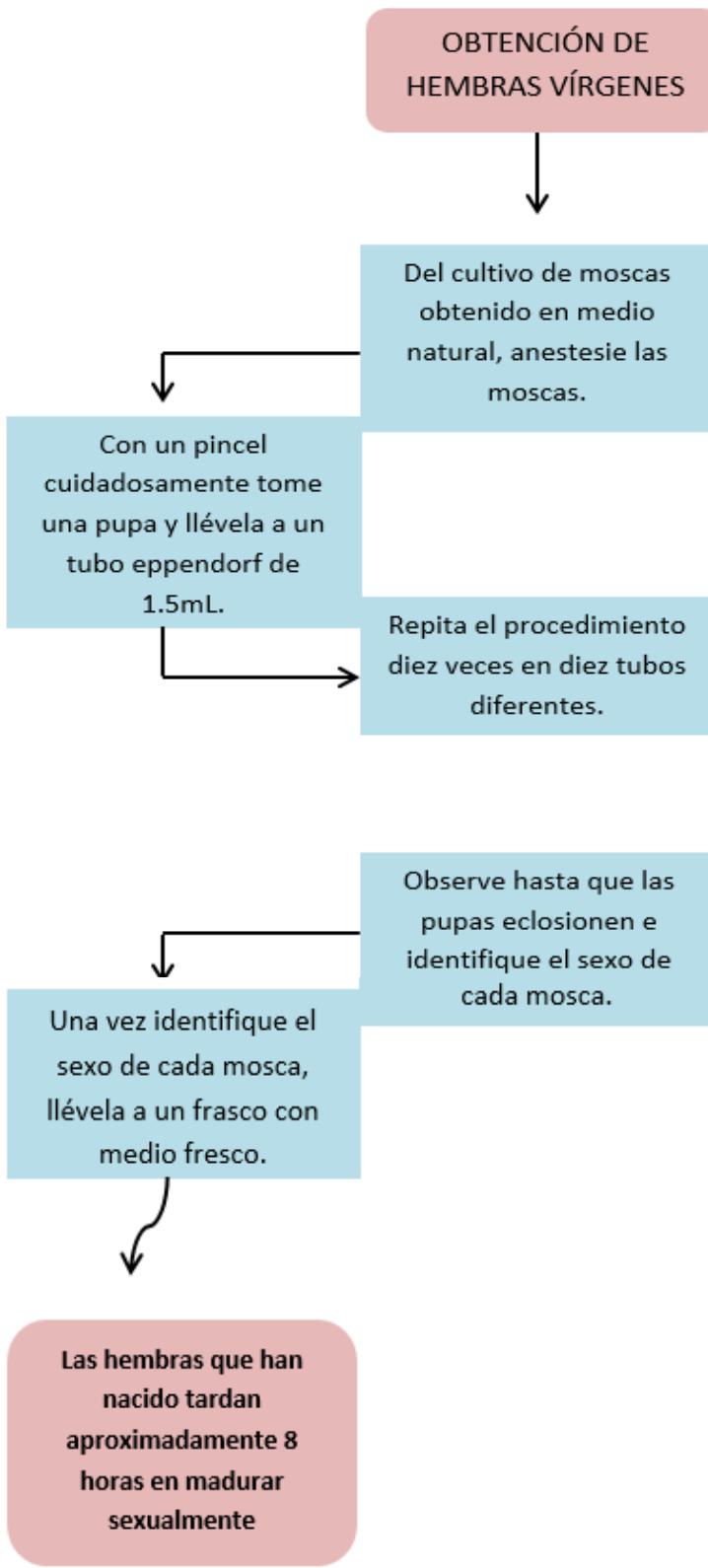
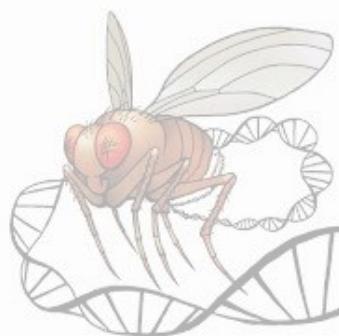
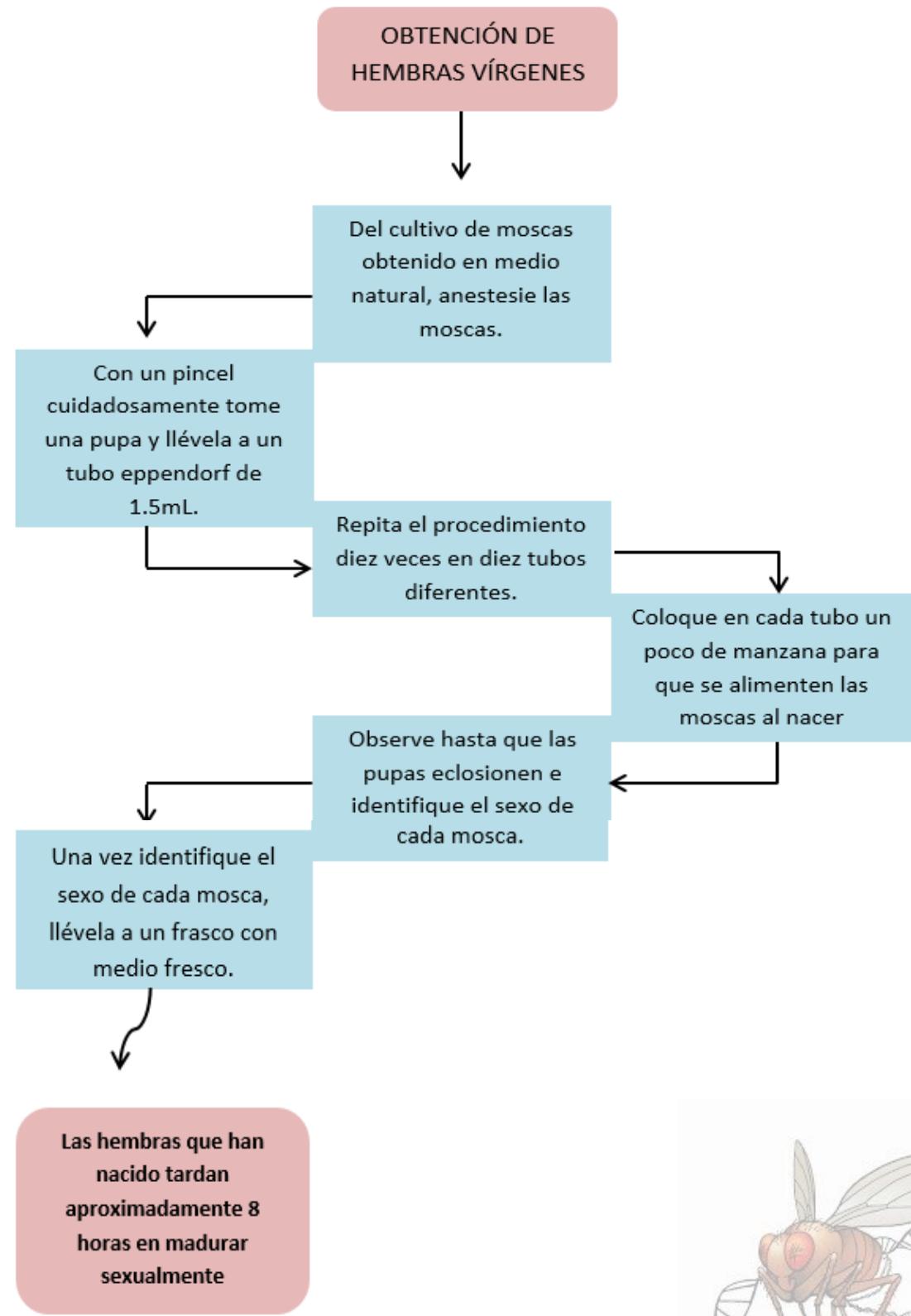


Figura 2. Ciclo de vida *D. melanogaster*



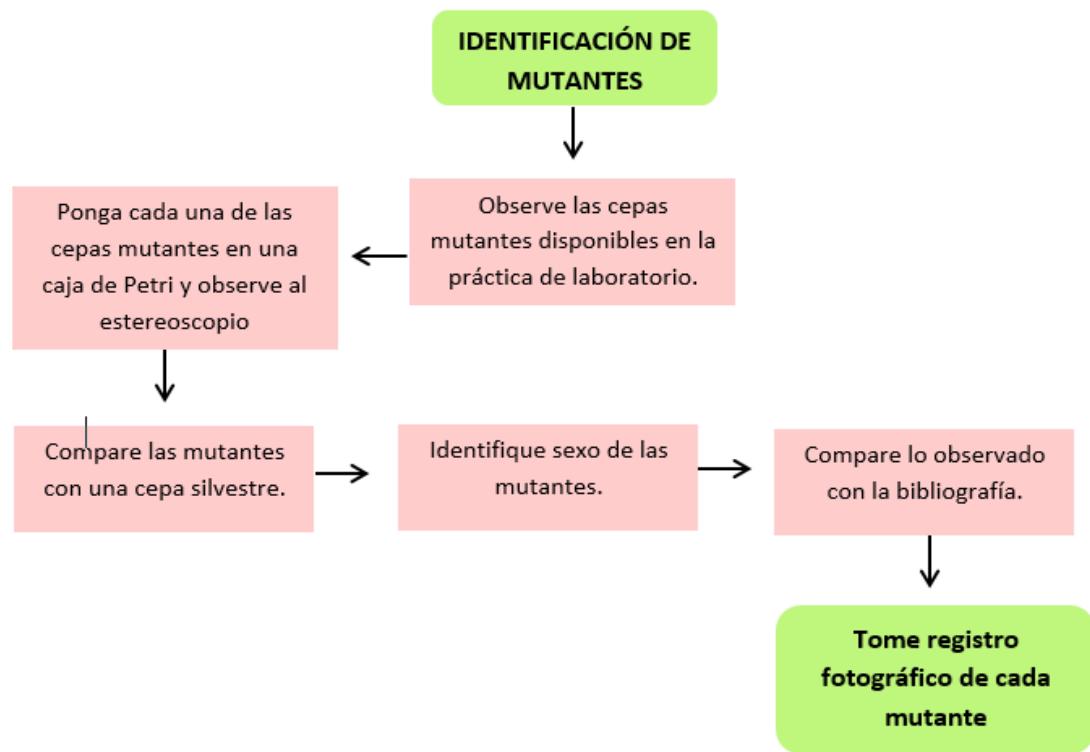


57



57

3. Identificación de mutantes.



Vestigial (vg)



Bar (B)

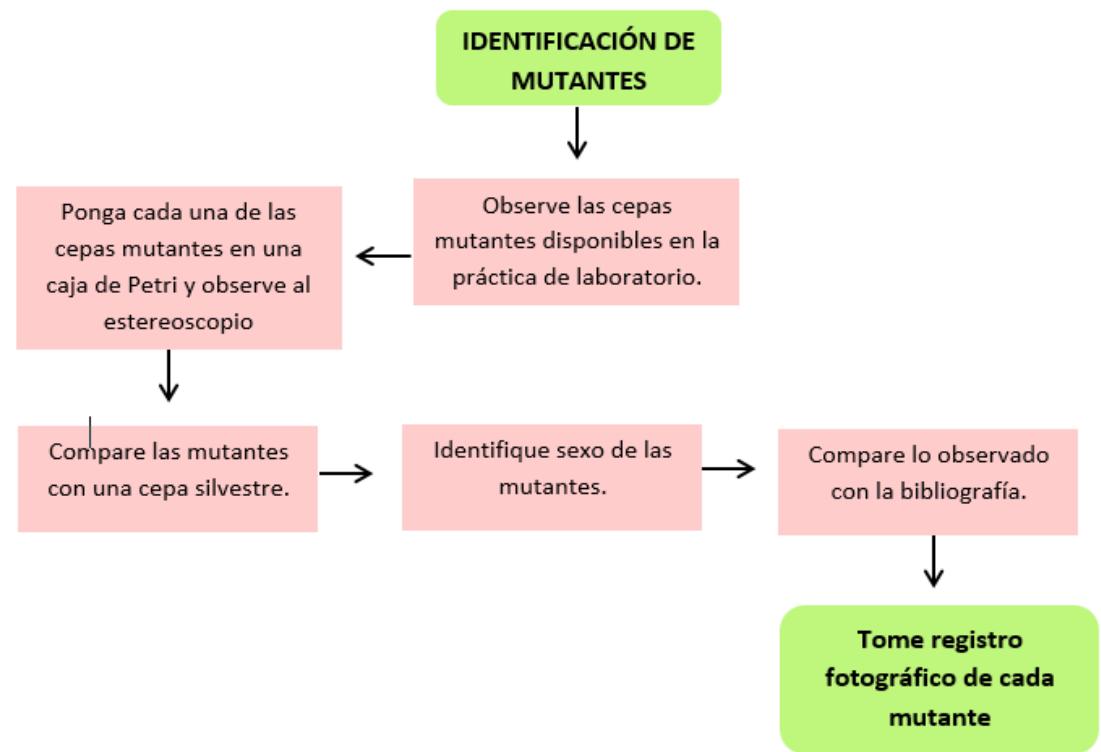


White (w)



Figura. Fotos de algunas mutantes de *D. melanogaster*

3. Identificación de mutantes.



Vestigial (vg)



Bar (B)



White (w)

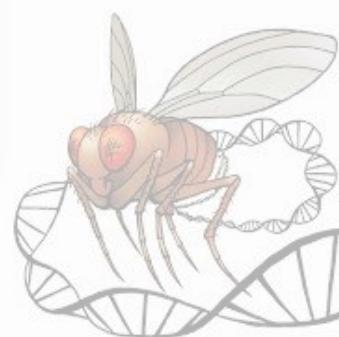
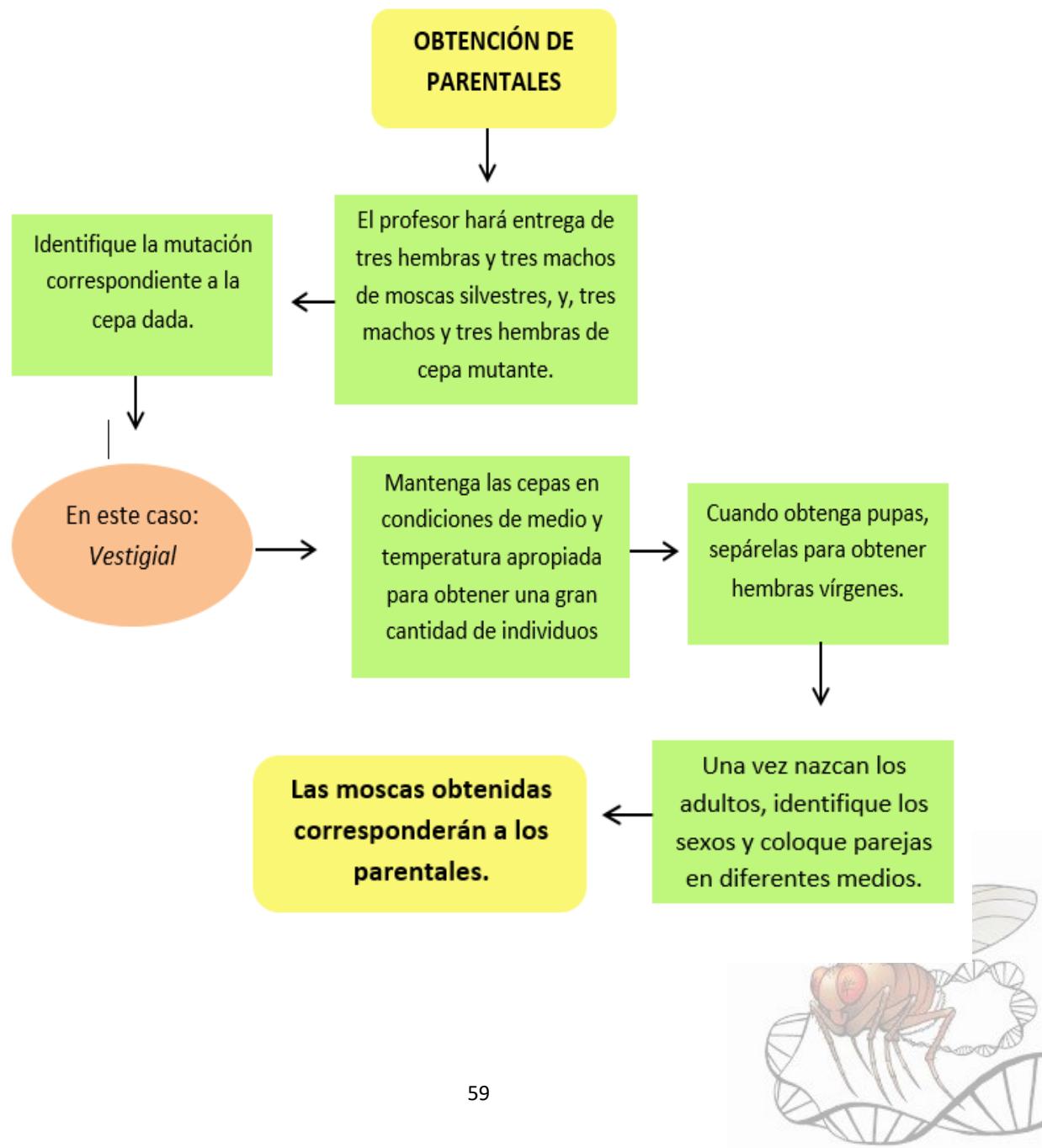


Figura. Fotos de algunas mutantes de *D. melanogaster*

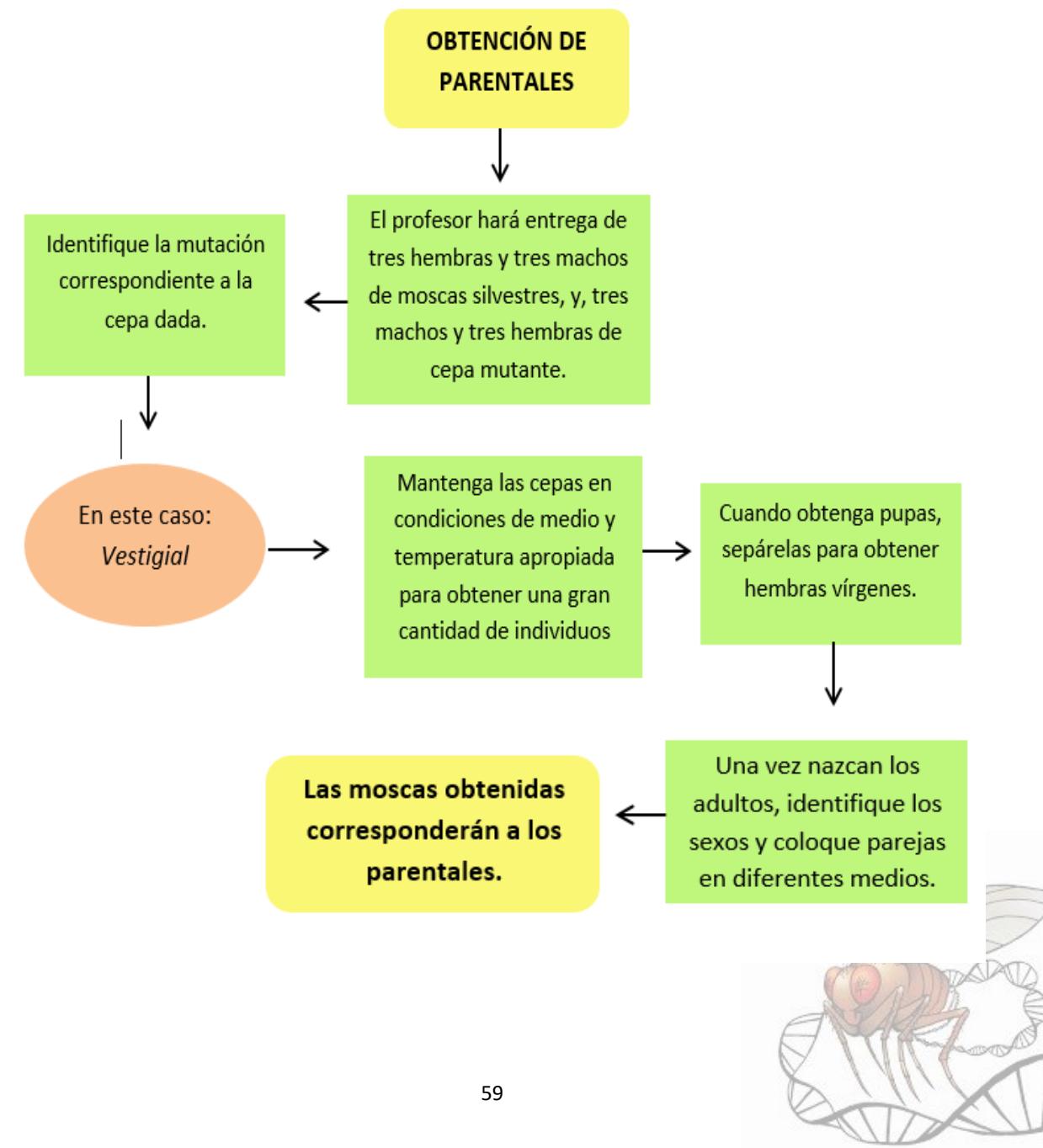
4. Identificación de tipo de herencia de algunas características en *D. melanogaster*.

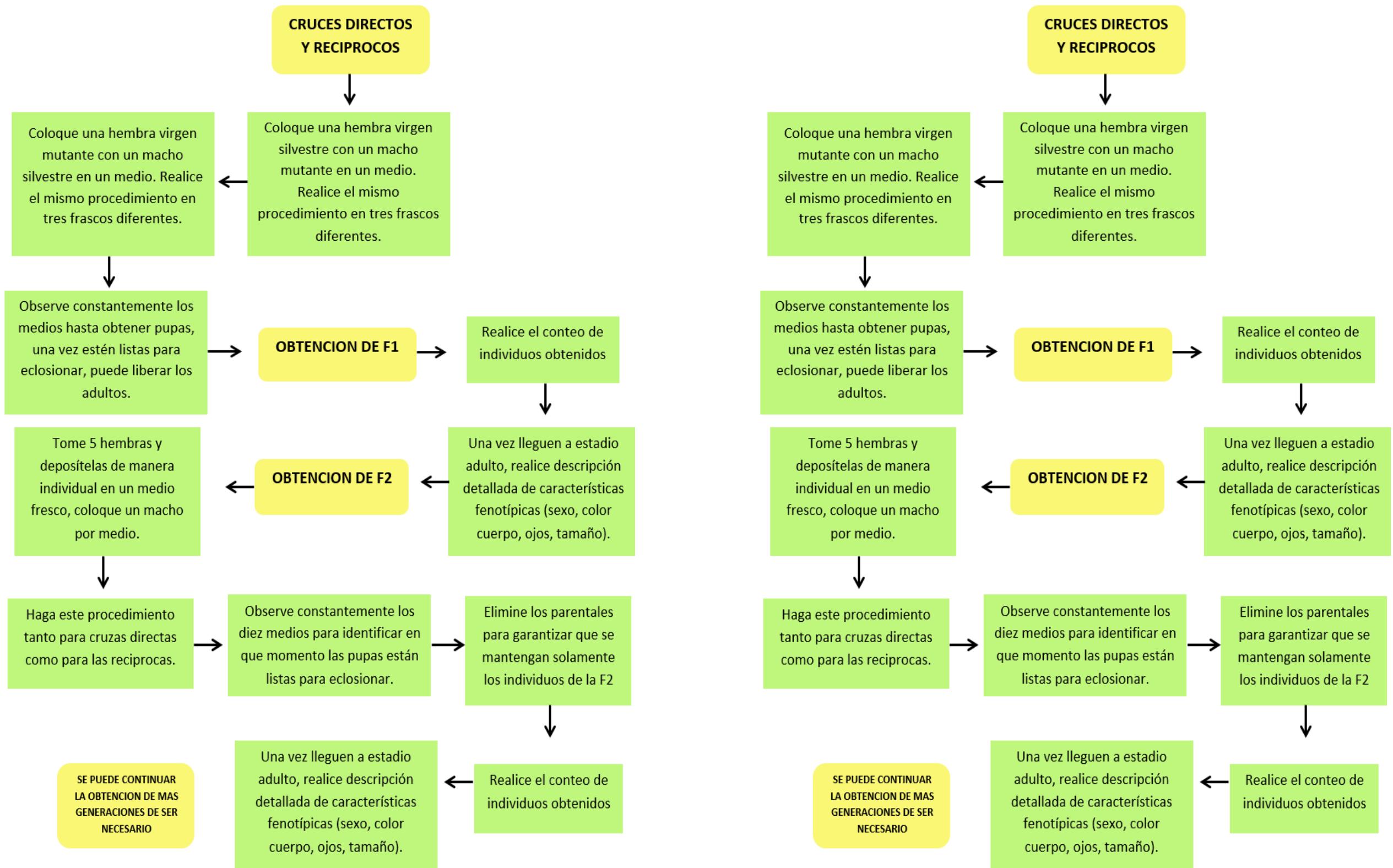
- ⇒ OBTENCIÓN DE PARENTALES
- ⇒ CRUCES DIRECTOS Y RECÍPROCOS
- ⇒ OBTENCIÓN DE F1 y F2.

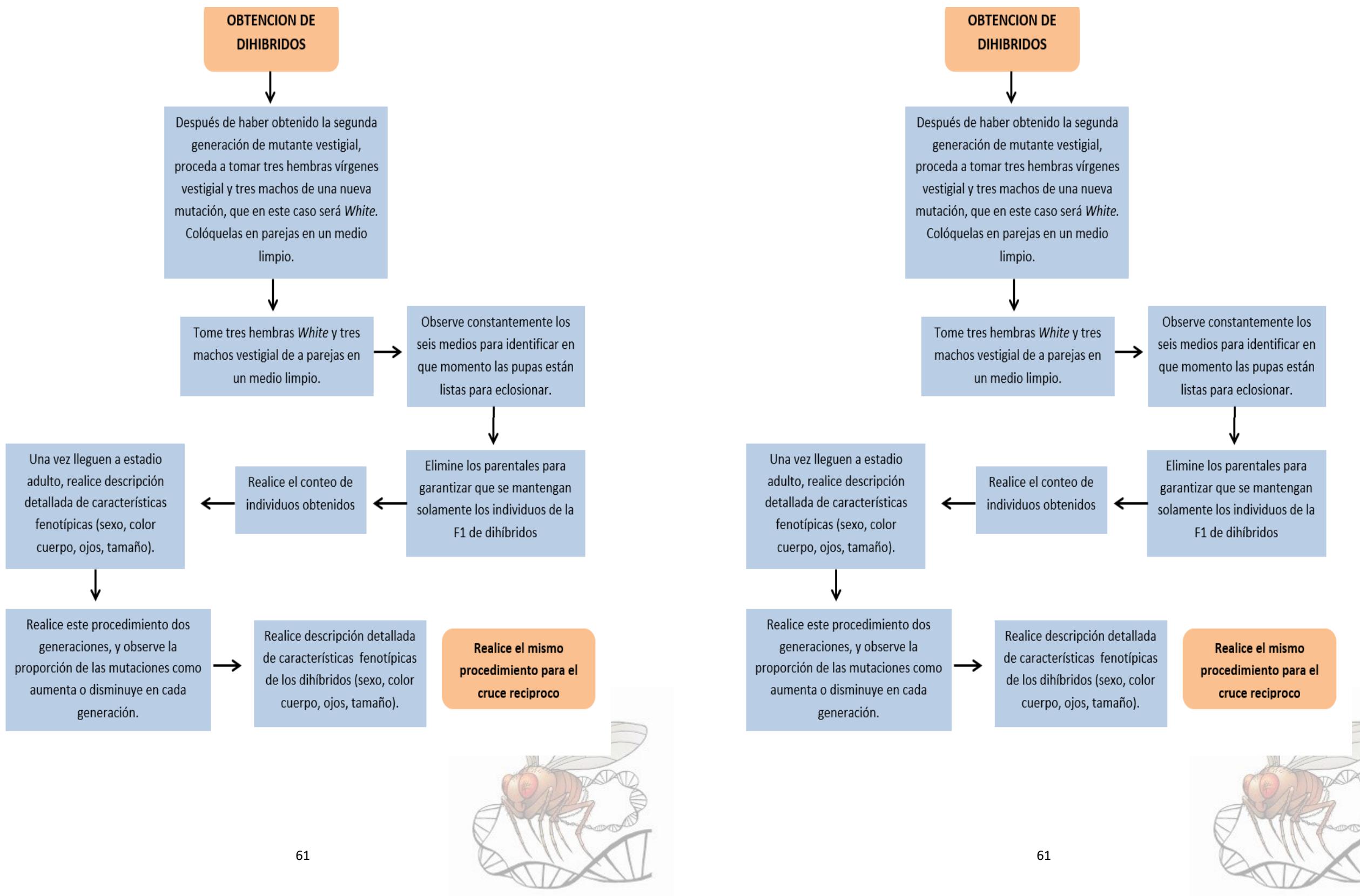


4. Identificación de tipo de herencia de algunas características en *D. melanogaster*.

- ⇒ OBTENCIÓN DE PARENTALES
- ⇒ CRUCES DIRECTOS Y RECÍPROCOS
- ⇒ OBTENCIÓN DE F1 y F2.







PROPORCIONES FENOTÍPICAS ESPERADAS

Tabla 5. Proporciones fenotípicas esperadas en todos los cruces planteados en el proyecto

CRUCES	DIRECTO			RECIPROCO		
	MONOHIBRIDO	F1	F2	F1	F2	F2
Silvestre- Vestigial	100% Silvestres	3/4 Silvestres, 1/4 Vestigial		100% Silvestres		3/4 Silvestres, 1/4 Vestigial
Silvestre-White	1/2 Hembras Silvestres y 1/2 Machos Silvestres	1/2 Hembras Silvestres, 1/4 Machos Silvestres y 1/4 Machos white		1/2 Hembras Silvestres y 1/2 Machos White		1/4 Hembras Silvestres, 1/4 Hembras White, 1/4 Machos Silvestres y 1/4 Machos White
Silvestre- Bar	1/2 Hembras Bar y 1/2 Machos Bar	1/2 Hembras, 1/4 Machos Bar y 1/4 Silvestres		1/2 Hembras Bar y 1/2 Machos Silvestres		1/4 Hembras Bar, 1/4 Machos Bar y 1/4 Silvestres, 1/4 Machos Bar y 1/4 Machos Silvestres

62

CRUCES	DIRECTO			RECIPROCO		
	DIHIBRIDO	F1	F2	F1	F2	F2
Vestigial-White	1/2 Hembras Silvestres-alas normales y 1/2 Machos white- alas normales	6/16 White-alas normales, 6/16 Silvestres-alas normales, 2/16 White, alas vestigiales y 2/16 Silvestres alas vestigiales.		1/2 Hembras Silvestres-alas normales y 1/2 Machos Silvestres-alas normales		3/16 White-alas normales, 9/16 Silvestres-alas normales, 1/16 White, alas vestigiales y 3/16 Silvestres alas vestigiales.
-	-	-	-	-	-	-



PROPORCIONES FENOTÍPICAS ESPERADAS

Tabla 5. Proporciones fenotípicas esperadas en todos los cruces planteados en el proyecto

CRUCES	DIRECTO			RECIPROCO		
	MONOHIBRIDO	F1	F2	F1	F2	F2
Silvestre- Vestigial	100% Silvestres	3/4 Silvestres, 1/4 Vestigial		100% Silvestres		3/4 Silvestres, 1/4 Vestigial
Silvestre-White	1/2 Hembras Silvestres y 1/2 Machos Silvestres	1/2 Hembras Silvestres, 1/4 Machos Silvestres y 1/4 Machos white		1/2 Hembras Silvestres y 1/2 Machos White		1/4 Hembras Silvestres, 1/4 Hembras White, 1/4 Machos Silvestres y 1/4 Machos White
Silvestre- Bar	1/2 Hembras Bar y 1/2 Machos Bar	1/2 Hembras, 1/4 Machos Bar y 1/4 Silvestres		1/2 Hembras Bar y 1/2 Machos Silvestres		1/4 Hembras Bar, 1/4 Machos Bar y 1/4 Silvestres, 1/4 Machos Bar y 1/4 Machos Silvestres

62

CRUCES	DIRECTO			RECIPROCO		
	DIHIBRIDO	F1	F2	F1	F2	F2
Vestigial-White	1/2 Hembras Silvestres-alas normales y 1/2 Machos white- alas normales	6/16 White-alas normales, 6/16 Silvestres-alas normales, 2/16 White, alas vestigiales y 2/16 Silvestres alas vestigiales.		1/2 Hembras Silvestres-alas normales y 1/2 Machos Silvestres-alas normales		3/16 White-alas normales, 9/16 Silvestres-alas normales, 1/16 White, alas vestigiales y 3/16 Silvestres alas vestigiales.
-	-	-	-	-	-	-



CRONOGRAMA	
OBTENCIÓN DE F1 Y F2 MONOHÍBRIDOS Y DIHÍBRIDO DE <i>D. melanogaster</i>	
FECHA	ACTIVIDAD
12-ene	Preparación de 12 medios de cultivo
21-ene	Siembra de 3 parejas de vestigial (<i>vg</i>) x Silvestre y su recíproco.
25-ene	Preparación de 6 medios de cultivo
27-ene	Siembra de 3 parejas de Bar (<i>B</i>) x Silvestre y su recíproco.
28-ene	Recolecta de primeras pupas cruce <i>vg</i> x Silvestre
31-ene	Recolecta de primeras pupas cruce <i>w</i> x Silvestre
01-feb	Preparación de 32 medios de cultivo
02-feb	Aislamiento de vírgenes cruce <i>vg</i> x Silvestre
03-feb	Siembra de dihíbrido: 6 hembras <i>vg</i> y 6 machos <i>w</i> con su respectivo recíproco
07-feb	Obtención de primeras pupas F1 <i>B</i> x Silvestre
10-feb	Siembra de F2 cruce <i>B</i> 5 hembras y 5 machos con su respectivo recíproco
12-feb	Obtención de primeras pupas F1 <i>vg</i> x <i>w</i>
13-feb	Conteo de individuos obtenidos en F1 <i>vg</i> x <i>w</i>
13-feb	Recolecta primeras pupas F2 <i>w</i>
15-feb	Conteo de individuos obtenidos en F2 <i>w</i>
25-feb	Obtención de individuos de F2 <i>vg</i>
27-feb	Obtención primeras pupas F2 <i>B</i>
01-mar	Conteo de individuos de la F2 <i>vg</i>
02-mar	Conteo de individuos de la F2 <i>B</i>

CRONOGRAMA	
OBTENCIÓN DE F1 Y F2 MONOHÍBRIDOS Y DIHÍBRIDO DE <i>D. melanogaster</i>	
FECHA	ACTIVIDAD
12-ene	Preparación de 12 medios de cultivo
21-ene	Siembra de 3 parejas de vestigial (<i>vg</i>) x Silvestre y su recíproco.
25-ene	Preparación de 6 medios de cultivo
27-ene	Siembra de 3 parejas de Bar (<i>B</i>) x Silvestre y su recíproco.
28-ene	Recolecta de primeras pupas cruce <i>vg</i> x Silvestre
31-ene	Recolecta de primeras pupas cruce <i>w</i> x Silvestre
01-feb	Preparación de 32 medios de cultivo
02-feb	Aislamiento de vírgenes cruce <i>vg</i> x Silvestre
03-feb	Siembra de dihíbrido: 6 hembras <i>vg</i> y 6 machos <i>w</i> con su respectivo recíproco
07-feb	Obtención de primeras pupas F1 <i>B</i> x Silvestre
10-feb	Siembra de F2 cruce <i>B</i> 5 hembras y 5 machos con su respectivo recíproco
12-feb	Obtención de primeras pupas F1 <i>vg</i> x <i>w</i>
13-feb	Conteo de individuos obtenidos en F1 <i>vg</i> x <i>w</i>
13-feb	Recolecta primeras pupas F2 <i>w</i>
15-feb	Conteo de individuos obtenidos en F2 <i>w</i>
25-feb	Obtención de individuos de F2 <i>vg</i>
27-feb	Obtención primeras pupas F2 <i>B</i>
01-mar	Conteo de individuos de la F2 <i>vg</i>
02-mar	Conteo de individuos de la F2 <i>B</i>

RESULTADOS

CRUCE MONOHÍBRIDO: SILVESTRE (vg^+) x VESTIGIAL (vg).
OBTENCIÓN F1 Y F2, Y CRUCE DIRECTO Y RECÍPROCO.

1. Cruce directo $vg^+ \times vg$

Se hizo un cruce entre un macho silvestre y una hembra vestigial en tres frascos diferentes, se dejaron los medios durante 15 días, al pasar este periodo de tiempo se empezaron a recolectar pupas durante 8 días más, y luego se obtuvieron los siguientes resultados:

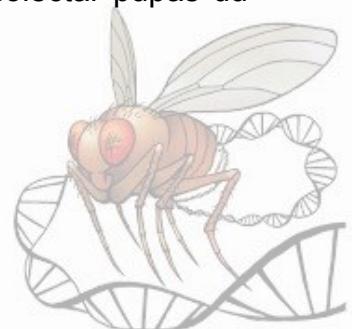
Tabla 6. Fenotipos expresados en la generación F1.

F1	Frasco 1	Frasco 2	Frasco 3	Total
No. Individuos	60	53	49	162
Fenotipo	Silvestre	Silvestre	Silvestre	

Se obtuvo una población total de 162 individuos producto de las tres repeticiones del cruce, en donde todos presentaron el fenotipo Silvestre (Tabla 6).

2. Obtención de F2.

Se tomaron al azar de la F1, cinco hembras y cinco machos. Se separaron por parejas en cinco frascos diferentes, se dejaron los medios durante 15 días, al pasar este período de tiempo se empezaron a recolectar pupas durante 8 días más, y se alcanzaron los siguientes resultados:



RESULTADOS

CRUCE MONOHÍBRIDO: SILVESTRE (vg^+) x VESTIGIAL (vg).
OBTENCIÓN F1 Y F2, Y CRUCE DIRECTO Y RECÍPROCO.

1. Cruce directo $vg^+ \times vg$

Se hizo un cruce entre un macho silvestre y una hembra vestigial en tres frascos diferentes, se dejaron los medios durante 15 días, al pasar este periodo de tiempo se empezaron a recolectar pupas durante 8 días más, y luego se obtuvieron los siguientes resultados:

Tabla 6. Fenotipos expresados en la generación F1.

F1	Frasco 1	Frasco 2	Frasco 3	Total
No. Individuos	60	53	49	162
Fenotipo	Silvestre	Silvestre	Silvestre	

Se obtuvo una población total de 162 individuos producto de las tres repeticiones del cruce, en donde todos presentaron el fenotipo Silvestre (Tabla 6).

2. Obtención de F2.

Se tomaron al azar de la F1, cinco hembras y cinco machos. Se separaron por parejas en cinco frascos diferentes, se dejaron los medios durante 15 días, al pasar este período de tiempo se empezaron a recolectar pupas durante 8 días más, y se alcanzaron los siguientes resultados:

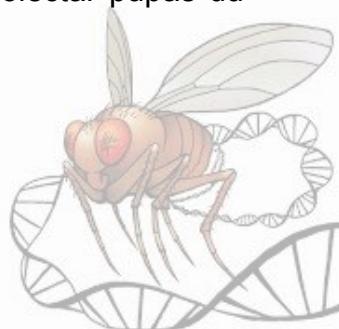


Tabla 7. Progenie obtenida en la generación F2 (fenotipos expresados) y valores de chi² calculado (χ^2_c).

Directo	Frasco 1	Frasco 2	Frasco 3	Frasco 4	Frasco 5	Total
Vestigial	16	20	23	17	19	95
Silvestres	35	38	44	48	42	207
Total	51	58	67	65	61	302
χ^2_c	0,6594	2,6316	2,384	0,0207	1,0829	6,017

Se plantearon las siguientes hipótesis para el χ^2 :

Para un grado de libertad (fenotipos-1) (2-1=1), con una probabilidad de 0,05. el valor $\chi^2_T = 3,84$

Se aplicó el chi2 corregido o corrección de Yates para 1 grado de libertad:

$$\chi^2_{\text{corregida}} = \sum \frac{(|F_o - F_e| - 0.5)^2}{F_e}$$

Ho: La mutación *vg* está gobernada por un gen de herencia mendeliana (dominancia-recesividad). Se obtiene una razón 3:1, las desviaciones obtenidas se deben al azar.

HA: La mutación *vg* no está gobernada por un gen de herencia mendeliana. No se obtiene una razón de 3:1.

Se determinaron los valores del χ^2_c (Tabla 7) para el total de individuos obtenidos en todos los frascos, y para la población final total (la suma de todos los individuos de cada frasco) y se obtuvo un $\chi^2_c < \chi^2_T$ en todos los casos, excepto en la población final. Es decir, la Ho planteada se acepta para todos los frascos, debido a que cumplen con la proporción 3:1, excepto en el caso de la población total.

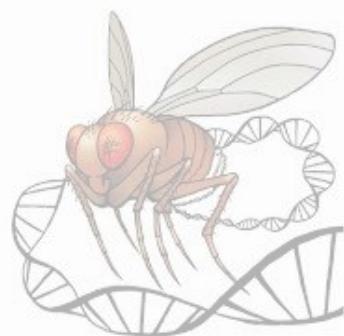


Tabla 7. Progenie obtenida en la generación F2 (fenotipos expresados) y valores de chi² calculado (χ^2_c).

Directo	Frasco 1	Frasco 2	Frasco 3	Frasco 4	Frasco 5	Total
Vestigial	16	20	23	17	19	95
Silvestres	35	38	44	48	42	207
Total	51	58	67	65	61	302
χ^2_c	0,6594	2,6316	2,384	0,0207	1,0829	6,017

Se plantearon las siguientes hipótesis para el χ^2 :

Para un grado de libertad (fenotipos-1) (2-1=1), con una probabilidad de 0,05. el valor $\chi^2_T = 3,84$

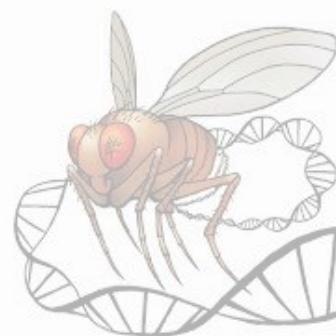
Se aplicó el chi2 corregido o corrección de Yates para 1 grado de libertad:

$$\chi^2_{\text{corregida}} = \sum \frac{(|F_o - F_e| - 0.5)^2}{F_e}$$

Ho: La mutación *vg* está gobernada por un gen de herencia mendeliana (dominancia-recesividad). Se obtiene una razón 3:1, las desviaciones obtenidas se deben al azar.

HA: La mutación *vg* no está gobernada por un gen de herencia mendeliana. No se obtiene una razón de 3:1.

Se determinaron los valores del χ^2_c (Tabla 7) para el total de individuos obtenidos en todos los frascos, y para la población final total (la suma de todos los individuos de cada frasco) y se obtuvo un $\chi^2_c < \chi^2_T$ en todos los casos, excepto en la población final. Es decir, la Ho planteada se acepta para todos los frascos, debido a que cumplen con la proporción 3:1, excepto en el caso de la población total.



3. Cruce recíproco: Hembra vg^+ x Macho vg

Se colocaron tres parejas de moscas en tres frascos diferentes, cada uno con una hembra silvestre y un macho vestigial; después de 15 días se empezaron a recolectar pupas, y se empezaron a recolectar pupas durante los siguientes 8

Tabla 8. Fenotipos expresados en la generación F1

F1	Frasco 1	Frasco 2	Frasco 3	Total
No. Individuos	45	40	47	132
Fenotipo	Silvestre	Silvestre	Silvestre	1

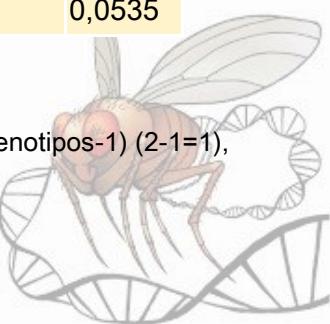
Se obtuvo una población total de 132 moscas en las que el 100% correspondieron al fenotipo silvestres (Tabla 8).

4. Obtención F2

Se tomaron cinco hembras y cinco machos al azar de la F1, se separaron en cinco frascos diferentes y se realizó el mismo procedimiento que en el cruce directo: se recolectaron pupas durante 8 días desde el primer día de aparición y se obtuvieron los siguientes resultados:

Tabla 9. Progenie obtenida en la generación F2 (fenotipos expresados) y valores de x^2_c .

Recíproco	Frasco 1	Frasco 2	Frasco 3	Frasco 4	Frasco 5	Total
Vestigial	12	13	9	12	12	58
Silvestres	33	36	25	34	38	166
Total	45	49	34	46	50	224
x^2_c	0,03	0,0275	0,04085	0,0298	0,0275	0,0535



Se plantearon las siguientes hipótesis para el x^2 : Para un grado de libertad (fenotipos-1) ($2-1=1$), con una probabilidad de 0,05. el valor $x^2_T = 3,84$

3. Cruce recíproco: Hembra vg^+ x Macho vg

Se colocaron tres parejas de moscas en tres frascos diferentes, cada uno con una hembra silvestre y un macho vestigial; después de 15 días se empezaron a recolectar pupas, y se empezaron a recolectar pupas durante los siguientes 8

Tabla 8. Fenotipos expresados en la generación F1

F1	Frasco 1	Frasco 2	Frasco 3	Total
No. Individuos	45	40	47	132
Fenotipo	Silvestre	Silvestre	Silvestre	1

Se obtuvo una población total de 132 moscas en las que el 100% correspondieron al fenotipo silvestres (Tabla 8).

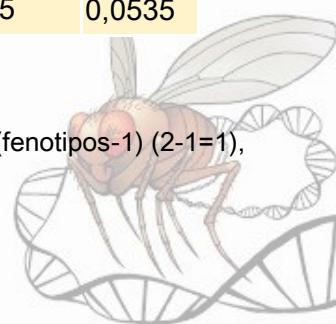
4. Obtención F2

Se tomaron cinco hembras y cinco machos al azar de la F1, se separaron en cinco frascos diferentes y se realizó el mismo procedimiento que en el cruce directo: se recolectaron pupas durante 8 días desde el primer día de aparición y se obtuvieron los siguientes resultados:

Tabla 9. Progenie obtenida en la generación F2 (fenotipos expresados) y valores de x^2_c .

Recíproco	Frasco 1	Frasco 2	Frasco 3	Frasco 4	Frasco 5	Total
Vestigial	12	13	9	12	12	58
Silvestres	33	36	25	34	38	166
Total	45	49	34	46	50	224
x^2_c	0,03	0,0275	0,04085	0,0298	0,0275	0,0535

Se plantearon las siguientes hipótesis para el x^2 : Para un grado de libertad (fenotipos-1) ($2-1=1$), con una probabilidad de 0,05. el valor $x^2_T = 3,84$



Se aplicó el chi² corregido o corrección de Yates para 1 grado de libertad:

$$X^2\text{corregida} = \sum \frac{(|F_o - F_e| - 0.5)^2}{F_e}$$

H_0 : La mutación *vg* está gobernada por un gen de herencia mendeliana (dominancia-recesividad). Se obtiene una razón 3:1, las desviaciones obtenidas se deben al azar.

H_A : La mutación *vg* no está gobernada por un gen de herencia mendeliana. No se obtiene una razón de 3:1.

Se determinaron los valores del X^2_C (Tabla 9) para el total de individuos obtenidos en todos los frascos, y para la población final total, y se obtuvo un $X^2_C < X^2_T$ en todos los casos, es decir, se acepta la H_0 planteada para todos los casos, debido a que cumplen con la proporción 3:1.

CRUCE MONOHÍBRIDO: SILVESTRE (*w⁺*) x WHITE (*w*). OBTENCIÓN F1 Y F2., Y CRUCE DIRECTO Y RECIPROCO.

1. Cruce directo *w⁺* x *w*

Se tomaron tres hembras silvestres y tres machos white y se pusieron en parejas en tres frascos diferentes. A los 10 días se empezaron a recolectar pupas, y después de 8 días se obtuvo:

Tabla 10. Fenotipos expresados en la generación F1.

F1	Frasco 1	Frasco 2	Frasco 3	Total
No. Individuos	65	59	54	178
Fenotipo	Silvestre	Silvestre	Silvestre	

Se alcanzó una población total de 178 moscas en donde todos sus individuos presentaron el fenotipo silvestre (Tabla 10).

Se aplicó el chi² corregido o corrección de Yates para 1 grado de libertad:

$$X^2\text{corregida} = \sum \frac{(|F_o - F_e| - 0.5)^2}{F_e}$$

H_0 : La mutación *vg* está gobernada por un gen de herencia mendeliana (dominancia-recesividad). Se obtiene una razón 3:1, las desviaciones obtenidas se deben al azar.

H_A : La mutación *vg* no está gobernada por un gen de herencia mendeliana. No se obtiene una razón de 3:1.

Se determinaron los valores del X^2_C (Tabla 9) para el total de individuos obtenidos en todos los frascos, y para la población final total, y se obtuvo un $X^2_C < X^2_T$ en todos los casos, es decir, se acepta la H_0 planteada para todos los casos, debido a que cumplen con la proporción 3:1.

CRUCE MONOHÍBRIDO: SILVESTRE (*w⁺*) x WHITE (*w*). OBTENCIÓN F1 Y F2., Y CRUCE DIRECTO Y RECIPROCO.

1. Cruce directo *w⁺* x *w*

Se tomaron tres hembras silvestres y tres machos white y se pusieron en parejas en tres frascos diferentes. A los 10 días se empezaron a recolectar pupas, y después de 8 días se obtuvo:

Tabla 10. Fenotipos expresados en la generación F1.

F1	Frasco 1	Frasco 2	Frasco 3	Total
No. Individuos	65	59	54	178
Fenotipo	Silvestre	Silvestre	Silvestre	

Se alcanzó una población total de 178 moscas en donde todos sus individuos presentaron el fenotipo silvestre (Tabla 10).

2. Obtención F2

Se tomaron cinco hembras y cinco machos al azar obtenidos de la F1. Se separaron por parejas en cinco frascos diferentes, se dejaron los medios durante 10 días y se recolectaron pupas durante 8 días más. Se alcanzaron los siguientes resultados:

Tabla 11. Progenie obtenida en la generación F2 (fenotipos expresados) y valores de χ^2_c .

	Frasco 1		Frasco 2		Frasco 3		Frasco 4		Frasco 5		Población
DIRECTO	M	H	M	H	M	H	M	H	M	H	Total
White	7	0	9	0	13	0	10	0	15	0	54
Silvestres	9	15	13	20	14	23	13	21	17	27	172
Total	31		42		50		44		59		226
χ^2_c	0,0781		0,4209		0,29833		0,23856		0,24424		0,07708

Se plantearon las siguientes hipótesis para el χ^2 :

Para un grado de libertad (fenotipos-1) (2-1=1), con una probabilidad de 0,05. el valor $\chi^2_T = 3,84$

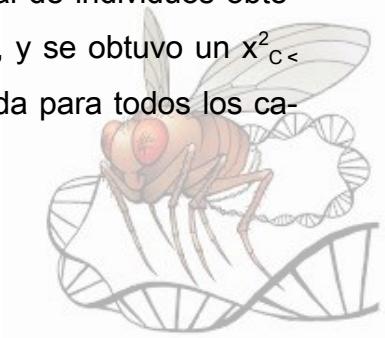
Se aplicó el chi2 corregido o corrección de Yates para 1 grado de libertad:

$$\chi^2_{\text{corregida}} = \sum \frac{(|F_o - F_e| - 0.5)^2}{F_e}$$

H_0 : La mutación *w* está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. Se obtiene una razón 1:1

H_A : La mutación *w* no está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. No se obtiene una razón de 1:1.

Se determinaron los valores del χ^2_c (Tabla 11) para el total de individuos obtenidos en todos los frascos, y para la población final total, y se obtuvo un $\chi^2_c < \chi^2_T$ en todos los casos, es decir, se acepta la H_0 planteada para todos los casos, debido a que cumplen con la proporción 1:1.



2. Obtención F2

Se tomaron cinco hembras y cinco machos al azar obtenidos de la F1. Se separaron por parejas en cinco frascos diferentes, se dejaron los medios durante 10 días y se recolectaron pupas durante 8 días más. Se alcanzaron los siguientes resultados:

Tabla 11. Progenie obtenida en la generación F2 (fenotipos expresados) y valores de χ^2_c .

	Frasco 1		Frasco 2		Frasco 3		Frasco 4		Frasco 5		Población
DIRECTO	M	H	M	H	M	H	M	H	M	H	Total
White	7	0	9	0	13	0	10	0	15	0	54
Silvestres	9	15	13	20	14	23	13	21	17	27	172
Total	31		42		50		44		59		226
χ^2_c	0,0781		0,4209		0,29833		0,23856		0,24424		0,07708

Se plantearon las siguientes hipótesis para el χ^2 :

Para un grado de libertad (fenotipos-1) (2-1=1), con una probabilidad de 0,05. el valor $\chi^2_T = 3,84$

Se aplicó el chi2 corregido o corrección de Yates para 1 grado de libertad:

$$\chi^2_{\text{corregida}} = \sum \frac{(|F_o - F_e| - 0.5)^2}{F_e}$$

H_0 : La mutación *w* está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. Se obtiene una razón 1:1

H_A : La mutación *w* no está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. No se obtiene una razón de 1:1.

Se determinaron los valores del χ^2_c (Tabla 11) para el total de individuos obtenidos en todos los frascos, y para la población final total, y se obtuvo un $\chi^2_c < \chi^2_T$ en todos los casos, es decir, se acepta la H_0 planteada para todos los casos, debido a que cumplen con la proporción 1:1.



4. Cruce reciproco

Se pusieron tres hembras *white* y tres machos silvestres en tres frascos diferentes, a los 10 días se empezaron a recolectar pupas durante 8 días más.

Los resultados fueron los siguientes:

Tabla 12. Progenie obtenida en la generación F1 (fenotipos expresados) y valores de χ^2_c .

F1	Frasco 1		Frasco 2		Frasco 3		Fenotipo	Total
	M	H	M	H	M	H		
Individuos	19	0	28	0	25	0	Silvestre	72
	0	24	0	25	0	29	White	78
Total	43		53		54		-	150
χ^2_c	0,404		0,0961		0,1666		-	0,166

Se plantearon las siguientes hipótesis para el χ^2 :

Para un grado de libertad (fenotipos-1) (2-1=1), con una probabilidad de 0,05. el valor $\chi^2_T = 3,84$ Se aplicó el chi2 corregido o corrección de Yates para 1 grado de libertad:

$$\chi^2_{\text{corregida}} = \sum \frac{(|F_o - F_e| - 0.5)^2}{F_e}$$

H_0 : La mutación *w* está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. Se obtiene una razón 1:1

H_A : La mutación *w* no está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. No se obtiene una razón de 1:1.

Se determinaron los valores del χ^2_c (Tabla 12) para el total de individuos obtenidos en todos los frascos, y para la población final total, y se obtuvo un $\chi^2_c < \chi^2_T$ en todos los casos, es decir, se acepta la H_0 planteada para todos los casos, debido a que cumplen con la proporción 1:1.



4. Cruce reciproco

Se pusieron tres hembras *white* y tres machos silvestres en tres frascos diferentes, a los 10 días se empezaron a recolectar pupas durante 8 días más.

Los resultados fueron los siguientes:

Tabla 12. Progenie obtenida en la generación F1 (fenotipos expresados) y valores de χ^2_c .

F1	Frasco 1		Frasco 2		Frasco 3		Fenotipo	Total
	M	H	M	H	M	H		
Individuos	19	0	28	0	25	0	Silvestre	72
	0	24	0	25	0	29	White	78
Total	43		53		54		-	150
χ^2_c	0,404		0,0961		0,1666		-	0,166

Se plantearon las siguientes hipótesis para el χ^2 :

Para un grado de libertad (fenotipos-1) (2-1=1), con una probabilidad de 0,05. el valor $\chi^2_T = 3,84$ Se aplicó el chi2 corregido o corrección de Yates para 1 grado de libertad:

$$\chi^2_{\text{corregida}} = \sum \frac{(|F_o - F_e| - 0.5)^2}{F_e}$$

H_0 : La mutación *w* está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. Se obtiene una razón 1:1

H_A : La mutación *w* no está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. No se obtiene una razón de 1:1.

Se determinaron los valores del χ^2_c (Tabla 12) para el total de individuos obtenidos en todos los frascos, y para la población final total, y se obtuvo un $\chi^2_c < \chi^2_T$ en todos los casos, es decir, se acepta la H_0 planteada para todos los casos, debido a que cumplen con la proporción 1:1.



5. Obtención F2

Se tomaron cinco hembras *white* y cinco machos silvestres correspondientes de la F1, en cinco frascos diferentes, se dejaron los medios durante 10 días y se recolectaron pupas durante 8 días más. Se alcanzaron los siguientes resultados:

Tabla 13. Progenie obtenida en la generación F1 (fenotipos expresados) y valores de χ^2_c .

	Frasco 1		Frasco 2		Frasco 3		Frasco 4		Frasco 5		Total
RECÍPROCO	M	H	M	H	M	H	M	H	M	H	
White	23	22	15	14	21	22	16	18	10	12	173
Silvestres	17	14	11	12	17	32	23	21	19	22	147
Total	76	52	92	78	63		361				
χ^2_c	2,829	0,722	0,4301	0,211	4,651		2,09				

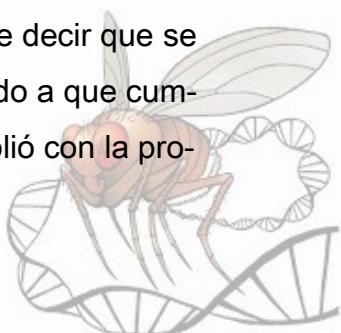
Se plantearon las siguientes hipótesis para el χ^2 : Para un grado de libertad (fenotipos-1) (2-1=1), con una probabilidad de 0,05. el valor $\chi^2_T = 3,84$

Se aplicó el chi2 corregido o corrección de Yates para 1 grado de libertad:

$$\chi^2_{\text{corregida}} = \sum \frac{(|F_o - F_e| - 0.5)^2}{F_e}$$

Ho: La mutación *w* está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. Se obtiene una razón fenotípica 1:1. Ha: La mutación *w* no está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. No se obtiene una razón de 1:1.

Se determinaron los valores del χ^2_c (Tabla 13) para el total de individuos obtenidos en todos los frascos, y para la población total, y se obtuvo un $\chi^2_c < \chi^2_T$ en todos los casos excepto en el frasco 5 ($4,651 > 3,84$). Esto quiere decir que se acepta la Ho planteada para los frasco cuyo valor $\chi^2_c < \chi^2_T$, debido a que cumplen con la proporción 1:1. Excepto el frasco 5, ya que no cumplió con la proporción fenotípica esperada.



5. Obtención F2

Se tomaron cinco hembras *white* y cinco machos silvestres correspondientes de la F1, en cinco frascos diferentes, se dejaron los medios durante 10 días y se recolectaron pupas durante 8 días más. Se alcanzaron los siguientes resultados:

Tabla 13. Progenie obtenida en la generación F1 (fenotipos expresados) y valores de χ^2_c .

	Frasco 1		Frasco 2		Frasco 3		Frasco 4		Frasco 5		Total
RECÍPROCO	M	H	M	H	M	H	M	H	M	H	
White	23	22	15	14	21	22	16	18	10	12	173
Silvestres	17	14	11	12	17	32	23	21	19	22	147
Total	76	52	92	78	63		361				
χ^2_c	2,829	0,722	0,4301	0,211	4,651		2,09				

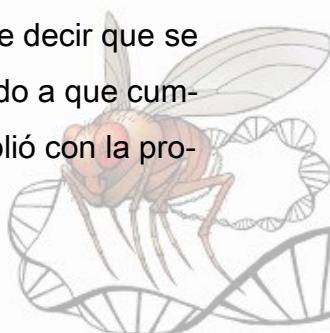
Se plantearon las siguientes hipótesis para el χ^2 : Para un grado de libertad (fenotipos-1) (2-1=1), con una probabilidad de 0,05. el valor $\chi^2_T = 3,84$

Se aplicó el chi2 corregido o corrección de Yates para 1 grado de libertad:

$$\chi^2_{\text{corregida}} = \sum \frac{(|F_o - F_e| - 0.5)^2}{F_e}$$

Ho: La mutación *w* está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. Se obtiene una razón fenotípica 1:1. Ha: La mutación *w* no está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. No se obtiene una razón de 1:1.

Se determinaron los valores del χ^2_c (Tabla 13) para el total de individuos obtenidos en todos los frascos, y para la población total, y se obtuvo un $\chi^2_c < \chi^2_T$ en todos los casos excepto en el frasco 5 ($4,651 > 3,84$). Esto quiere decir que se acepta la Ho planteada para los frasco cuyo valor $\chi^2_c < \chi^2_T$, debido a que cumplen con la proporción 1:1. Excepto el frasco 5, ya que no cumplió con la proporción fenotípica esperada.



CRUCE MONOHÍBRIDO: SILVESTRE (B^+) x BAR (B). OBTENCIÓN F1 Y F2., Y CRUCE DIRECTO Y RECIPROCO.

1. Cruce directo $B^+ \times B$

Se tomaron tres hembras Bar y tres machos silvestres y se pusieron en parejas en tres frascos diferentes. A los 10 días se empezaron a recolectar pupas, y después de 8 días se obtuvo un total de 93 individuos, de los cuales el 100% correspondieron al fenotipo *Bar* (Tabla 14).

Tabla 14. Fenotipos expresados en la generación F1.

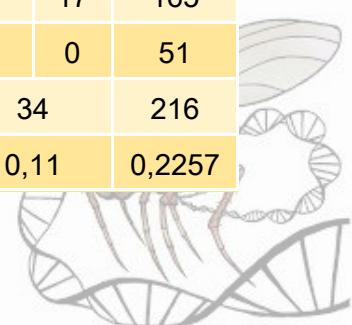
F1	Frasco 1	Frasco 2	Frasco 3	Total
No. Individuos	26	31	36	93
Fenotipo	Bar	Bar	Bar	

2. Obtención de la F2.

Se tomaron cinco hembras y cinco machos al azar obtenidos de la F1. Se separaron por parejas en cinco frascos diferentes, se dejaron los medios durante 10 días y se recolectaron pupas durante 8 días más. Se alcanzaron los siguientes resultados:

Tabla 15. Progenie obtenida en la generación F2 (fenotipos expresados) y valores de χ^2_c .

F2	Frasco 1		Frasco 2		Frasco 3		Frasco 4		Frasco 5		Total
DIRECTO	M	H	M	H	M	H	M	H	M	H	
Bar	11	17	15	6	22	14	19	18	9	17	165
Silvestres	0	13	0	7	0	11	0	12	8	0	51
Total	41		28		47		49		34		216
χ^2_c	7,09		0,193		4,57		2,5		0,11		0,2257



CRUCE MONOHÍBRIDO: SILVESTRE (B^+) x BAR (B). OBTENCIÓN F1 Y F2., Y CRUCE DIRECTO Y RECIPROCO.

1. Cruce directo $B^+ \times B$

Se tomaron tres hembras Bar y tres machos silvestres y se pusieron en parejas en tres frascos diferentes. A los 10 días se empezaron a recolectar pupas, y después de 8 días se obtuvo un total de 93 individuos, de los cuales el 100% correspondieron al fenotipo *Bar* (Tabla 14).

Tabla 14. Fenotipos expresados en la generación F1.

F1	Frasco 1	Frasco 2	Frasco 3	Total
No. Individuos	26	31	36	93
Fenotipo	Bar	Bar	Bar	

2. Obtención de la F2.

Se tomaron cinco hembras y cinco machos al azar obtenidos de la F1. Se separaron por parejas en cinco frascos diferentes, se dejaron los medios durante 10 días y se recolectaron pupas durante 8 días más. Se alcanzaron los siguientes resultados:

Tabla 15. Progenie obtenida en la generación F2 (fenotipos expresados) y valores de χ^2_c .

F2	Frasco 1		Frasco 2		Frasco 3		Frasco 4		Frasco 5		Total
DIRECTO	M	H	M	H	M	H	M	H	M	H	
Bar	11	17	15	6	22	14	19	18	9	17	165
Silvestres	0	13	0	7	0	11	0	12	8	0	51
Total	41		28		47		49		34		216
χ^2_c	7,09		0,193		4,57		2,5		0,11		0,2257



Se plantearon las siguientes hipótesis para el χ^2 :

Para un grado de libertad (fenotipos-1) (2-1=1), con una probabilidad de 0,05. el valor $\chi^2_T = 3,84$

Se aplicó el chi2 corregido o corrección de Yates para 1 grado de libertad:

$$\chi^2\text{corregida} = \sum \frac{(|F_o - F_e| - 0.5)^2}{F_e}$$

H_0 : La mutación *B* está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. Se obtiene una razón fenotípica de 3:1 (Bar : Silvestre).

H_A : La mutación *B* no está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. No se obtiene una razón fenotípica de 3:1.

Se determinaron los valores del χ^2_C (Tabla 15) para el total de individuos obtenidos en todos los frascos, y para la población total, y se obtuvo un $\chi^2_C < \chi^2_T$ en los frascos 2, 4 y 5, y un valor de $\chi^2_C > \chi^2_T$ en los frascos 1 y 3. Sin embargo, en el valor obtenido para la población total $\chi^2_C < \chi^2_T$. Esto quiere decir que se acepta la H_0 planteada para los frascos (incluyendo el valor de la población total) cuyo valor fue $\chi^2_C < \chi^2_T$, debido a que cumplen con la proporción fenotípica de 3:1, y se rechaza en los frascos cuyo valor fue de $\chi^2_C > \chi^2_T$, lo que quiere decir que no cumple con la frecuencia fenotípica esperada.

4. Cruce recíproco

Se pusieron tres hembras silvestres y tres machos Bar en tres frascos diferentes, a los 10 días se empezaron a recolectar pupas durante 8 días más. Los resultados fueron los siguientes: De un total de 144 individuos, se obtuvieron 84 hembras bar y 60 machos silvestres (Tabla 16).



Se plantearon las siguientes hipótesis para el χ^2 :

Para un grado de libertad (fenotipos-1) (2-1=1), con una probabilidad de 0,05. el valor $\chi^2_T = 3,84$

Se aplicó el chi2 corregido o corrección de Yates para 1 grado de libertad:

$$\chi^2\text{corregida} = \sum \frac{(|F_o - F_e| - 0.5)^2}{F_e}$$

H_0 : La mutación *B* está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. Se obtiene una razón fenotípica de 3:1 (Bar : Silvestre).

H_A : La mutación *B* no está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. No se obtiene una razón fenotípica de 3:1.

Se determinaron los valores del χ^2_C (Tabla 15) para el total de individuos obtenidos en todos los frascos, y para la población total, y se obtuvo un $\chi^2_C < \chi^2_T$ en los frascos 2, 4 y 5, y un valor de $\chi^2_C > \chi^2_T$ en los frascos 1 y 3. Sin embargo, en el valor obtenido para la población total $\chi^2_C < \chi^2_T$. Esto quiere decir que se acepta la H_0 planteada para los frascos (incluyendo el valor de la población total) cuyo valor fue $\chi^2_C < \chi^2_T$, debido a que cumplen con la proporción fenotípica de 3:1, y se rechaza en los frascos cuyo valor fue de $\chi^2_C > \chi^2_T$, lo que quiere decir que no cumple con la frecuencia fenotípica esperada..

4. Cruce recíproco

Se pusieron tres hembras silvestres y tres machos Bar en tres frascos diferentes, a los 10 días se empezaron a recolectar pupas durante 8 días más. Los resultados fueron los siguientes: De un total de 144 individuos, se obtuvieron 84 hembras bar y 60 machos silvestres (Tabla 16).

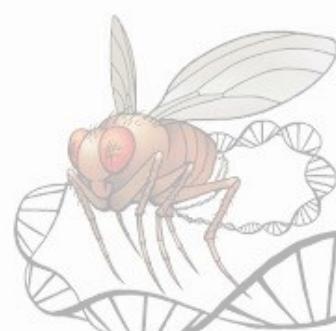


Tabla 16. Progenie obtenida en la generación F1 (fenotipos expresados) y valores de χ^2_c .

F1	Frasco 1		Frasco 2		Frasco 3		Fenotipo	Total
	M	H	M	H	M	H		
Individuos	12	10	15	13	14	20	Bar	84
	11	9	10	11	11	8	Silvestre	60
Total	42		49		53			144
χ^2_c	0,3		0,75		5,172			3,6736

Se plantearon las siguientes hipótesis para el χ^2 :

Para un grado de libertad (fenotipos-1) (2-1=1), con una probabilidad de 0,05. el valor $\chi^2_T = 3,84$

Se aplicó el chi2 corregido o corrección de Yates para 1 grado de libertad:

$$\chi^2_{\text{corregida}} = \sum \frac{(|F_o - F_e| - 0.5)^2}{F_e}$$

H_0 : La mutación *B* está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. Se obtiene una razón fenotípica de 3:1 (Bar : Silvestre).

H_A : La mutación *B* no está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. No se obtiene una razón fenotípica de 3:1.

Se obtuvieron valores de $\chi^2_c < \chi^2_T$ en los frascos 1 y 2, y en la población total, sin embargo, se calculó un valor $\chi^2_c > \chi^2_T$ para el frasco 3, es decir que, se acepta la H_0 en todos los casos, excepto en el frasco 3, ya que no cumple con la proporción fenotípica esperada de 1:1.

5. Obtención F2

Se tomaron cinco hembras y cinco machos de la F1, al azar, en cinco frascos diferentes de la F1. a los 10 días se empezaron a recolectar pupas durante 8 días más. Los resultados fueron los siguientes:



Tabla 16. Progenie obtenida en la generación F1 (fenotipos expresados) y valores de χ^2_c .

F1	Frasco 1		Frasco 2		Frasco 3		Fenotipo	Total
	M	H	M	H	M	H		
Individuos	12	10	15	13	14	20	Bar	84
	11	9	10	11	11	8	Silvestre	60
Total	42		49		53			144
χ^2_c	0,3		0,75		5,172			3,6736

Se plantearon las siguientes hipótesis para el χ^2 :

Para un grado de libertad (fenotipos-1) (2-1=1), con una probabilidad de 0,05. el valor $\chi^2_T = 3,84$

Se aplicó el chi2 corregido o corrección de Yates para 1 grado de libertad:

$$\chi^2_{\text{corregida}} = \sum \frac{(|F_o - F_e| - 0.5)^2}{F_e}$$

H_0 : La mutación *B* está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. Se obtiene una razón fenotípica de 3:1 (Bar : Silvestre).

H_A : La mutación *B* no está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. No se obtiene una razón fenotípica de 3:1.

Se obtuvieron valores de $\chi^2_c < \chi^2_T$ en los frascos 1 y 2, y en la población total, sin embargo, se calculó un valor $\chi^2_c > \chi^2_T$ para el frasco 3, es decir que, se acepta la H_0 en todos los casos, excepto en el frasco 3, ya que no cumple con la proporción fenotípica esperada de 1:1.

5. Obtención F2

Se tomaron cinco hembras y cinco machos de la F1, al azar, en cinco frascos diferentes de la F1. a los 10 días se empezaron a recolectar pupas durante 8 días más. Los resultados fueron los siguientes:



Tabla 17. Progenie obtenida en la generación F2 (fenotipos expresados) y valores de χ^2_c .

F2	Frasco 1		Frasco 2		Frasco 3		Frasco 4		Frasco 5		Total
RECÍPROCO	M	H	M	H	M	H	M	H	M	H	
Bar	8	6	10	11	9	14	10	12	17	16	113
Silvestres	5	4	19	13	15	11	18	8	19	15	127
Total		23		53		49		20		67	240
χ^2_c	2,1		3,68		1,84		4,56		0,655		0,805

Se plantearon las siguientes hipótesis para el χ^2 :

Para un grado de libertad (fenotipos-1) (2-1=1), con una probabilidad de 0,05. el valor $\chi^2_T = 3,84$

Se aplicó el chi2 corregido o corrección de Yates para 1 grado de libertad:

$$\chi^2_{\text{corregida}} = \sum \frac{(|F_o - F_e| - 0.5)^2}{F_e}$$

H_0 : La mutación *B* está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. Se obtiene una razón fenotípica de 1:1

H_A : La mutación *B* no está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. No se obtiene una razón fenotípica de 1:1

Se obtuvieron valores $\chi^2_c < \chi^2_T$ (Tabla 17) en todos los casos excepto en el frasco 4 donde se obtuvo un $4,56 > 3,84$, esto quiere decir que solo en éste frasco se rechazó la H_0 , debido a que no cumplió con la proporción 1:1 esperada, por lo tanto, en los demás casos, incluyendo la población total, se acepta la H_0 de cumplimiento con la frecuencia esperada.

Tabla 17. Progenie obtenida en la generación F2 (fenotipos expresados) y valores de χ^2_c .

F2	Frasco 1		Frasco 2		Frasco 3		Frasco 4		Frasco 5		Total
RECÍPROCO	M	H	M	H	M	H	M	H	M	H	
Bar	8	6	10	11	9	14	10	12	17	16	113
Silvestres	5	4	19	13	15	11	18	8	19	15	127
Total		23		53		49		20		67	240
χ^2_c	2,1		3,68		1,84		4,56		0,655		0,805

Se plantearon las siguientes hipótesis para el χ^2 :

Para un grado de libertad (fenotipos-1) (2-1=1), con una probabilidad de 0,05. el valor $\chi^2_T = 3,84$

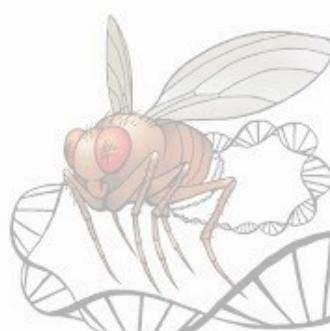
Se aplicó el chi2 corregido o corrección de Yates para 1 grado de libertad:

$$\chi^2_{\text{corregida}} = \sum \frac{(|F_o - F_e| - 0.5)^2}{F_e}$$

H_0 : La mutación *B* está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. Se obtiene una razón fenotípica de 1:1

H_A : La mutación *B* no está gobernada por un gen de herencia ligada al sexo. No se obtiene una razón fenotípica de 1:1

Se obtuvieron valores $\chi^2_c < \chi^2_T$ (Tabla 17) en todos los casos excepto en el frasco 4 donde se obtuvo un $4,56 > 3,84$, esto quiere decir que solo en éste frasco se rechazó la H_0 , debido a que no cumplió con la proporción 1:1 esperada, por lo tanto, en los demás casos, incluyendo la población total, se acepta la H_0 de cumplimiento con la frecuencia esperada.



CRUCE DIHÍBRIDO: Vestigial (*vg*) x White (*w*)

OBTENCIÓN F1

CRUCE DIRECTO:

Se tomaron seis hembras vestigial y seis machos *white* y se separaron en parejas en seis frascos diferentes. Después de 15 días se empezaron a observar pupas en los medios, y, hasta la fecha no han eclosionado, por lo tanto no se presentan resultados de F1 aún.

Tabla 18. Progenie obtenida en la generación F1 (fenotipos expresados) y valores de χ^2_c .

Directo	Frasco 1	Frasco 2	Frasco 3	Frasco 4	Frasco 5	Frasco 6	Total
White-alas normales	14	17	23	21	25	22	122
Silvestre	20	19	26	22	23	21	131
Total	34	36	49	43	48	43	253
χ^2_c	1,0238	0,4952	0,195	0,04211	0,0746	0,04301	0,3174

Se plantearon las siguientes hipótesis para el χ^2 :

Para un grado de libertad (fenotipos-1) (2-1=1), con una probabilidad de 0,05. el valor $\chi^2_T = 3,84$

Se aplicó el chi2 corregido o corrección de Yates para 1 grado de libertad:

$$\chi^2_{\text{corregida}} = \sum \frac{(|F_o - F_e| - 0.5)^2}{F_e}$$

H_0 : Los genes *w* y *vg* segregan independientemente debido a que una característica está ligada al sexo y la otra es autosómica. Se obtiene una razón fenotípica de 1:1.

H_A : Los genes *w* y *vg* no segregan independientemente. No se obtiene una razón fenotípica de 1:1.



CRUCE DIHÍBRIDO: Vestigial (*vg*) x White (*w*)

OBTENCIÓN F1

CRUCE DIRECTO:

Se tomaron seis hembras vestigial y seis machos *white* y se separaron en parejas en seis frascos diferentes. Después de 15 días se empezaron a observar pupas en los medios, y, hasta la fecha no han eclosionado, por lo tanto no se presentan resultados de F1 aún.

Tabla 18. Progenie obtenida en la generación F1 (fenotipos expresados) y valores de χ^2_c .

Directo	Frasco 1	Frasco 2	Frasco 3	Frasco 4	Frasco 5	Frasco 6	Total
White-alas normales	14	17	23	21	25	22	122
Silvestre	20	19	26	22	23	21	131
Total	34	36	49	43	48	43	253
χ^2_c	1,0238	0,4952	0,195	0,04211	0,0746	0,04301	0,3174

Se plantearon las siguientes hipótesis para el χ^2 :

Para un grado de libertad (fenotipos-1) (2-1=1), con una probabilidad de 0,05. el valor $\chi^2_T = 3,84$

Se aplicó el chi2 corregido o corrección de Yates para 1 grado de libertad:

$$\chi^2_{\text{corregida}} = \sum \frac{(|F_o - F_e| - 0.5)^2}{F_e}$$

H_0 : Los genes *w* y *vg* segregan independientemente debido a que una característica está ligada al sexo y la otra es autosómica. Se obtiene una razón fenotípica de 1:1.

H_A : Los genes *w* y *vg* no segregan independientemente. No se obtiene una razón fenotípica de 1:1.



Se obtuvieron valores de $\chi^2_c < \chi^2_T$ (Tabla 18) en todos los casos. Se acepta la H_0 de que todos los frascos y la población total cumplen con la proporción 1:1 esperada de fenotipos en la progenie de la generación F1.

CRUCE RECÍPROCO:

Se tomaron seis hembras *white* y seis machos *vestigial* y se separaron en parejas en seis frascos diferentes. Después de 15 días se empezaron a observar pupas en los medios, se recogió durante 8 días y se obtuvieron los siguientes resultados:

Tabla 19. Fenotipos expresados en la generación F1.

Recíproco	Frasco 1	Frasco 2	Frasco 3	Frasco 4	Frasco 5	Frasco 6	Total
Individuos	32	41	37	35	39	40	224
Total	Silvestre	Silvestre	Silvestre	Silvestre	Silvestre	Silvestre	

Se obtuvo un población total en donde el 100% de sus individuos presentaron el fenotipo silvestre (Tabla 19).

Se obtuvieron valores de $\chi^2_c < \chi^2_T$ (Tabla 18) en todos los casos. Se acepta la H_0 de que todos los frascos y la población total cumplen con la proporción 1:1 esperada de fenotipos en la progenie de la generación F1.

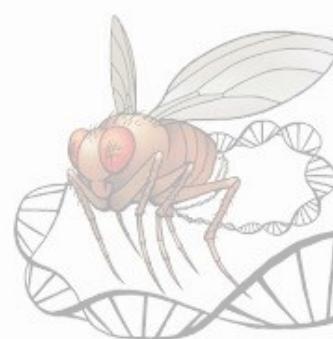
CRUCE RECÍPROCO:

Se tomaron seis hembras *white* y seis machos *vestigial* y se separaron en parejas en seis frascos diferentes. Después de 15 días se empezaron a observar pupas en los medios, se recogió durante 8 días y se obtuvieron los siguientes resultados:

Tabla 19. Fenotipos expresados en la generación F1.

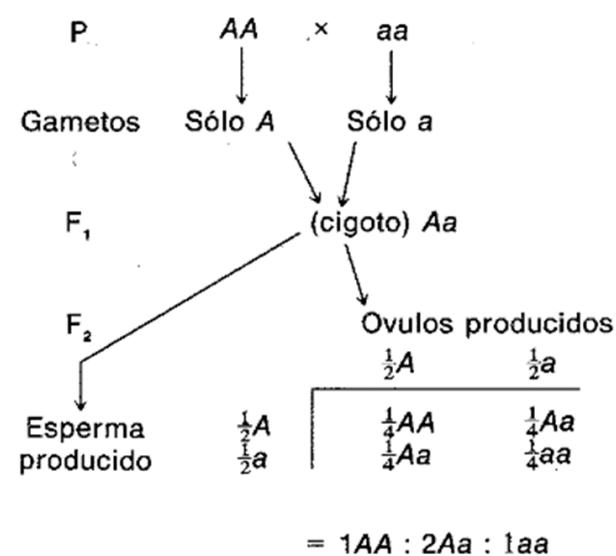
Recíproco	Frasco 1	Frasco 2	Frasco 3	Frasco 4	Frasco 5	Frasco 6	Total
Individuos	32	41	37	35	39	40	224
Total	Silvestre	Silvestre	Silvestre	Silvestre	Silvestre	Silvestre	

Se obtuvo un población total en donde el 100% de sus individuos presentaron el fenotipo silvestre (Tabla 19).



DISCUSIÓN DE RESULTADOS

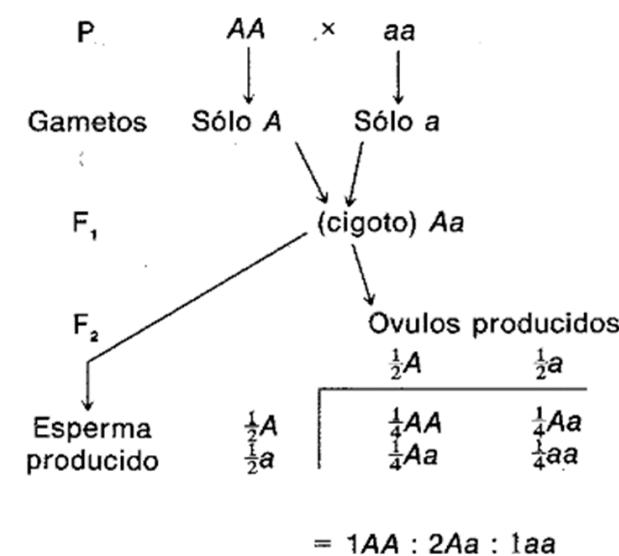
Al realizar el correspondiente cruce recíproco y directo, para la mutación de alas vestigiales con el fenotipo silvestre, se obtuvo toda la descendencia expresando el fenotipo silvestre, ya que *vg* es una mutación autosómica recesiva, por lo tanto, es necesario que se presenten ambos alelos de forma recesiva para que se exprese en los individuos (Matta, 2010). Como fue inferido por Mendel, en donde indicaba que cada planta adulta del guisante tiene dos genes en cada célula para cada carácter estudiado. Las plantas F1 debían contener un gen, llamado el gen dominante, responsable del fenotipo dominante y otro gen, llamado el gen recesivo, responsable del fenotipo recesivo y que se pondrá de manifiesto sólo en las generaciones siguientes (Martinez y Saenz, 2003). En la figura se puede observar fácilmente este postulado, en donde sólo se expresa la característica homocigota recesiva en la F2 y sus progenies posteriores, cumpliendo la proporciona genotípica 1:2:1.



Fig____.Representación simbólica de las generaciones P, F1, F2 en el sistema de Mendel, que implica la diferencia en un carácter determinado debido a la diferencia en un gen.

DISCUSIÓN DE RESULTADOS

Al realizar el correspondiente cruce recíproco y directo, para la mutación de alas vestigiales con el fenotipo silvestre, se obtuvo toda la descendencia expresando el fenotipo silvestre, ya que *vg* es una mutación autosómica recesiva, por lo tanto, es necesario que se presenten ambos alelos de forma recesiva para que se exprese en los individuos (Matta, 2010). Como fue inferido por Mendel, en donde indicaba que cada planta adulta del guisante tiene dos genes en cada célula para cada carácter estudiado. Las plantas F1 debían contener un gen, llamado el gen dominante, responsable del fenotipo dominante y otro gen, llamado el gen recesivo, responsable del fenotipo recesivo y que se pondrá de manifiesto sólo en las generaciones siguientes (Martinez y Saenz, 2003). En la figura se puede observar fácilmente este postulado, en donde sólo se expresa la característica homocigota recesiva en la F2 y sus progenies posteriores, cumpliendo la proporciona genotípica 1:2:1.



Fig____.Representación simbólica de las generaciones P, F1, F2 en el sistema de Mendel, que implica la diferencia en un carácter determinado debido a la diferencia en un gen.



Esto concuerda con los resultados esperados según el planteamiento del cruce teórico representado en la sección de “Principios mendelianos. Cruce monohíbrido”, donde se expresa que toda la descendencia de ambos cruces—directo y recíproco— deben tener una progenie donde todos sus individuos sean fenotípicamente silvestres.

Para la comparación de las proporciones obtenidas frente a las esperadas, no se presentaron cálculos de la prueba de Chi cuadrado, ya que el 100% de los individuos en la generación F1 de algunos cruces que se observaron presentaron el mismo fenotipo; esta prueba se realiza en el caso de obtener diferentes proporciones de fenotipos, con el fin de comprobar si éstos, cumplen con las leyes de la herencia de Gregor Mendel, es decir, las frecuencias fenotípicas esperadas (Matta, 2010).

Este modelo puede ser comprobado si se observa el número de individuos con la mutación en cada cruce obtenido (Ver tabla de resultados cruce Silvestre x *vg*), en donde se obtuvieron valores muy cercanos a los esperados; confirmando la segregación igualitaria del alelo silvestre y *vg* en la F1. Este concepto de segregación igualitaria corresponde a la primera Ley de Mendel: Los dos miembros de una pareja génica se distribuyen separadamente entre los gametos es decir, segregan, de forma que la mitad de los gametos llevan un miembro del parental macho y la otra mitad lleva el otro alelo de la hembra (Gardner, E. 1985).

Se pudo observar en la cepa vestigial, un significativo aumento en el número de días en el ciclo de vida con respecto a las demás cepas mutantes. Además de su lento desarrollo y tasa de reproducción. Según Dubinin, 1981, el gen vestigial genera una variación en la forma de las espermatecas de las hembras lo que ocasiona una reducción en la fecundidad, a la vez que produce una diferencia en el éxito copulativo de los machos respecto a los silvestres,

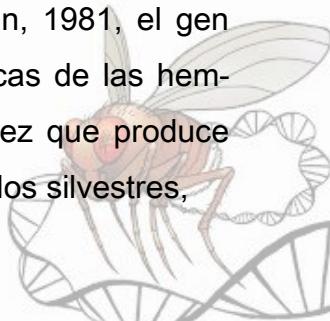


Esto concuerda con los resultados esperados según el planteamiento del cruce teórico representado en la sección de “Principios mendelianos. Cruce monohíbrido”, donde se expresa que toda la descendencia de ambos cruces—directo y recíproco— deben tener una progenie donde todos sus individuos sean fenotípicamente silvestres.

Para la comparación de las proporciones obtenidas frente a las esperadas, no se presentaron cálculos de la prueba de Chi cuadrado, ya que el 100% de los individuos en la generación F1 de algunos cruces que se observaron presentaron el mismo fenotipo; esta prueba se realiza en el caso de obtener diferentes proporciones de fenotipos, con el fin de comprobar si éstos, cumplen con las leyes de la herencia de Gregor Mendel, es decir, las frecuencias fenotípicas esperadas (Matta, 2010).

Este modelo puede ser comprobado si se observa el número de individuos con la mutación en cada cruce obtenido (Ver tabla de resultados cruce Silvestre x *vg*), en donde se obtuvieron valores muy cercanos a los esperados; confirmando la segregación igualitaria del alelo silvestre y *vg* en la F1. Este concepto de segregación igualitaria corresponde a la primera Ley de Mendel: Los dos miembros de una pareja génica se distribuyen separadamente entre los gametos es decir, segregan, de forma que la mitad de los gametos llevan un miembro del parental macho y la otra mitad lleva el otro alelo de la hembra (Gardner, E. 1985).

Se pudo observar en la cepa vestigial, un significativo aumento en el número de días en el ciclo de vida con respecto a las demás cepas mutantes. Además de su lento desarrollo y tasa de reproducción. Según Dubinin, 1981, el gen vestigial genera una variación en la forma de las espermatecas de las hembras lo que ocasiona una reducción en la fecundidad, a la vez que produce una diferencia en el éxito copulativo de los machos respecto a los silvestres,

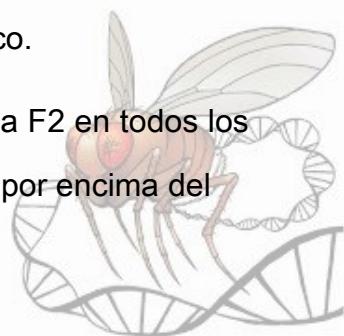


producto únicamente de la ausencia de alas normales que les permiten crear estímulos de cortejo mediante su abatimiento (Seegmiller y Hanks, 1968).

En el caso de los cruces de mutaciones ligadas al cromosoma X, *White* y *Bar*, se obtuvieron los resultados esperados de los fenotipos planteados en el cruceamiento de cada una estas mutaciones con el fenotipo silvestre, ejemplo de la sección de “Herencia ligada al sexo”.

La descendencia de la F1 producto del cruzamiento de una mosca *white* y una silvestre, concuerda con lo planteado en el ejercicio teórico y con la expresión genética de la mutación, puesto que su expresión es ligada al sexo recesiva (W. Klug, 2006), lo que quiere decir que debe estar presente el alelo recesivo en los dos cromosomas X de la hembra y en el caso del macho en su cromosoma X para que el fenotipo se pueda expresar. Por tal razón, en el cruce directo entre una hembra silvestre y un macho *white*, la descendencia obtenida fue toda fenotípicamente silvestre, y en el cruce recíproco, se observó una proporción aproximada de 1:1 expresando los fenotipos silvestre (hembras) y *white* (machos), ya que las hembras heredan los alelos presentes en un cromosoma proveniente de la madre y un cromosoma proveniente del padre, por lo tanto, ninguno expresa la característica recesiva. En el caso de los machos, todos los individuos presentaron el fenotipo mutante, debido a que estos sólo heredan un alelo proveniente de la madre (X^w), el cual es recesivo, por esto, todos los machos provenientes de este cruce presentaron el fenotipo mutante para ojos color blanco.

Haciendo los cálculos de la prueba Chi cuadrado, para la F1 y la F2 en todos los frascos, y en la población general de *White* se obtienen valores por encima del

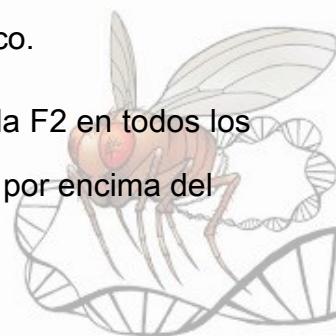


producto únicamente de la ausencia de alas normales que les permiten crear estímulos de cortejo mediante su abatimiento (Seegmiller y Hanks, 1968).

En el caso de los cruces de mutaciones ligadas al cromosoma X, *White* y *Bar*, se obtuvieron los resultados esperados de los fenotipos planteados en el cruceamiento de cada una estas mutaciones con el fenotipo silvestre, ejemplo de la sección de “Herencia ligada al sexo”.

La descendencia de la F1 producto del cruzamiento de una mosca *white* y una silvestre, concuerda con lo planteado en el ejercicio teórico y con la expresión genética de la mutación, puesto que su expresión es ligada al sexo recesiva (W. Klug, 2006), lo que quiere decir que debe estar presente el alelo recesivo en los dos cromosomas X de la hembra y en el caso del macho en su cromosoma X para que el fenotipo se pueda expresar. Por tal razón, en el cruce directo entre una hembra silvestre y un macho *white*, la descendencia obtenida fue toda fenotípicamente silvestre, y en el cruce recíproco, se observó una proporción aproximada de 1:1 expresando los fenotipos silvestre (hembras) y *white* (machos), ya que las hembras heredan los alelos presentes en un cromosoma proveniente de la madre y un cromosoma proveniente del padre, por lo tanto, ninguno expresa la característica recesiva. En el caso de los machos, todos los individuos presentaron el fenotipo mutante, debido a que estos sólo heredan un alelo proveniente de la madre (X^w), el cual es recesivo, por esto, todos los machos provenientes de este cruce presentaron el fenotipo mutante para ojos color blanco.

Haciendo los cálculos de la prueba Chi cuadrado, para la F1 y la F2 en todos los frascos, y en la población general de *White* se obtienen valores por encima del

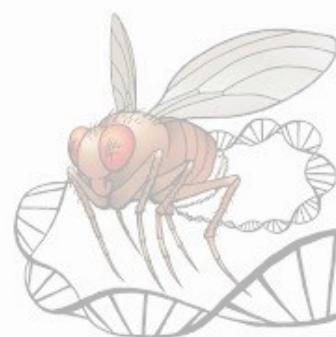
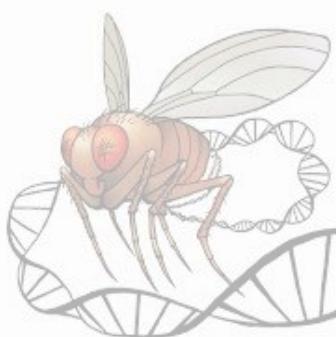


valor χ^2t , lo cual nos indica que los cruces cumplen la proporción 1:1.

Por otro lado, la mutación Bar, no cumple con las proporciones esperadas en la F2 según la prueba Chi, como si lo hace la mutación ligada al sexo recesiva White. La no obtención de las proporciones de las leyes de la herencia genética mendelianas, se pudo deber a la falta de una cantidad considerable de descendientes en la generación F1 y F2 (Indiana University, 2010). Aunque *Drosophila melanogaster* es el organismo modelo para los estudios genéticos, se sabe muy bien que los factores ambientales y del medio mismo en donde se cultivan las moscas puede afectar el nivel de desarrollo de las mismas, como también las características de las mutaciones que se expresan, de tal forma que las variaciones de las frecuencias pudieron ser afectadas por las altas temperaturas registradas recientemente, de igual forma que la falta de un cultivo más nutritivo (Balbín et al. 2000).

valor χ^2t , lo cual nos indica que los cruces cumplen la proporción 1:1.

Por otro lado, la mutación Bar, no cumple con las proporciones esperadas en la F2 según la prueba Chi, como si lo hace la mutación ligada al sexo recesiva White. La no obtención de las proporciones de las leyes de la herencia genética mendelianas, se pudo deber a la falta de una cantidad considerable de descendientes en la generación F1 y F2 (Indiana University, 2010). Aunque *Drosophila melanogaster* es el organismo modelo para los estudios genéticos, se sabe muy bien que los factores ambientales y del medio mismo en donde se cultivan las moscas puede afectar el nivel de desarrollo de las mismas, como también las características de las mutaciones que se expresan, de tal forma que las variaciones de las frecuencias pudieron ser afectadas por las altas temperaturas registradas recientemente, de igual forma que la falta de un cultivo más nutritivo (Balbín et al. 2000).



CONCLUSIONES

- ⇒ Una característica autosómica recesiva como en el caso de vestigial, solo se podrá expresar fenotípicamente si ambos parentales presentan al menos un alelo del gen recesivo. Debido a que los parentales en los cruces monohíbridos correspondían a un genotipo homocigoto dominante y homocigoto recesivo respectivamente, el gen dominante solapaba la característica recesiva. Por ende, fue solo hasta la F2 que se pudo observar un individuo que expresara un gen recesivo como lo es vestigial.
- ⇒ Las características ligadas al sexo o cromosoma X, se expresaran con mayor frecuencia en los machos ya que por ser heterogaméticos, solo presentan un cromosoma X. A diferencia de las hembras, que para presentar una mutación como White, ambos cromosomas X deben presentar el alelo para color White. Si la hembra llegara a tener un alelo diferente para color de ojos en cada cromosoma X, solo se expresaría el alelo dominante, que en este caso corresponde al fenotipo silvestre.
- ⇒ La una mutación ligada al sexo dominante, Bar. Es una mutación que se origina en un entrecruzamiento desigual, es decir en un proceso de generación de duplicación. Esto pudo ser comprobado al realizar los cruces monohíbridos de Bar x Silvestre. En donde la F1, se obtuvo un 100% de individuos que expresaron fenotípicamente la mutación, a diferencia de la mutación ligada a X recesiva, White, en donde en la F1, ninguno individuo de la progenie expreso la mutación.



CONCLUSIONES

- ⇒ Una característica autosómica recesiva como en el caso de vestigial, solo se podrá expresar fenotípicamente si ambos parentales presentan al menos un alelo del gen recesivo. Debido a que los parentales en los cruces monohíbridos correspondían a un genotipo homocigoto dominante y homocigoto recesivo respectivamente, el gen dominante solapaba la característica recesiva. Por ende, fue solo hasta la F2 que se pudo observar un individuo que expresara un gen recesivo como lo es vestigial.
- ⇒ Las características ligadas al sexo o cromosoma X, se expresaran con mayor frecuencia en los machos ya que por ser heterogaméticos, solo presentan un cromosoma X. A diferencia de las hembras, que para presentar una mutación como White, ambos cromosomas X deben presentar el alelo para color White. Si la hembra llegara a tener un alelo diferente para color de ojos en cada cromosoma X, solo se expresaría el alelo dominante, que en este caso corresponde al fenotipo silvestre.
- ⇒ La una mutación ligada al sexo dominante, Bar. Es una mutación que se origina en un entrecruzamiento desigual, es decir en un proceso de generación de duplicación. Esto pudo ser comprobado al realizar los cruces monohíbridos de Bar x Silvestre. En donde la F1, se obtuvo un 100% de individuos que expresaron fenotípicamente la mutación, a diferencia de la mutación ligada a X recesiva, White, en donde en la F1, ninguno individuo de la progenie expreso la mutación.



- ⇒ Al comprobar si las proporciones fenotípicas obtenidas se ajustaban a las proporciones mendelianas y ligadas a X esperadas, fue útil realizar una prueba de Chi cuadrado, en la cual se pudo observar que la mayoría de los frascos con las diferentes mutaciones, cumplieron con estas proporciones. En los casos en donde no se cumplió la proporción, es posible que haya habido una variable externa que afectara el crecimiento esperado de la población. Entre estas variables están: la temperatura y la calidad del medio de cultivo.
- ⇒ Al comprobar si las proporciones fenotípicas obtenidas se ajustaban a las proporciones mendelianas y ligadas a X esperadas, fue útil realizar una prueba de Chi cuadrado, en la cual se pudo observar que la mayoría de los frascos con las diferentes mutaciones, cumplieron con estas proporciones. En los casos en donde no se cumplió la proporción, es posible que haya habido una variable externa que afectara el crecimiento esperado de la población. Entre estas variables están: la temperatura y la calidad del medio de cultivo.

BIBLIOGRAFÍA

- Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K., y Walter, P. (2002.) *Molecular biology of the cell* (4a edición), Garland Science, New York.
- Bakkali, M., Barrionuevo, F., Burgos, M., Cabrero, J., de la Hernán, R., Garrido, M., Hackenberg, M., Jiménez, R., López, M., López, I., Martín, A., Navajas, R., Perfectti, F., Robles, F., Ruíz, J., Viseras, E., & Zurita, F. (2011) Manual de problemas y casos prácticos en Genética. Departamento de Genética, Universidad de Granada. (Consultado el 13 de marzo de 2016) (En línea) Disponible en <https://www.academia.edu/4432615/>
Manual_de_problemas_y_casos_practicos_de_genetica_UGR
- Balbín, A., Rojas,Y.,Chica, C., y Campos,H. (2000). Efecto de la temperatura y del medio de cultivo en la productividad de dos generaciones hijas de un cruce dihibrido en *Drosophila melanogaster*. *Acta Biológica Colombiana*, Vol. (5 No. 2, 2000 47) Universidad Nacional de Colombia. Santafé de Bogotá.
- Calpena, E. (2008). Memoria de Prácticas en Valentia Biopharma. *Drosophila* como modelo para patologías genéticas. (En línea) (Consultado el 15 de diciembre de 2015) Disponible en http://facultadbiologia.usal.es/documentos/practicasempr/MemoriasPracEmpresas/ValentiaBiopharma_08_EduardoCalpena.pdf
- Castillo, J. (2011). Probabilidad y herencia. Chapingo, México. (Consultado el 15 de Diciembre de 2016) Recuperado de <http://es.slideshare.net/lupita2312/tema-9-probabilidad-y-herencia>
- Development of the Fruit Fly. *Drosophila melanogaster* (s.f.). Consultado en Febrero 11, 2016, de <http://www.d.umn.edu/~pschoff/documents/08Drosophila.pdf>
- Elston, R.C., Stewart J. (1971). A General Model for the Genetic Analysis of Pedigree Data. Karger. Vol. (21, No. 6, 1971). DOI:10.1159/000152448.



BIBLIOGRAFÍA

- Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K., y Walter, P. (2002.) *Molecular biology of the cell* (4a edición), Garland Science, New York.
- Bakkali, M., Barrionuevo, F., Burgos, M., Cabrero, J., de la Hernán, R., Garrido, M., Hackenberg, M., Jiménez, R., López, M., López, I., Martín, A., Navajas, R., Perfectti, F., Robles, F., Ruíz, J., Viseras, E., & Zurita, F. (2011) Manual de problemas y casos prácticos en Genética. Departamento de Genética, Universidad de Granada. (Consultado el 13 de marzo de 2016) (En línea) Disponible en <https://www.academia.edu/4432615/>
Manual_de_problemas_y_casos_practicos_de_genetica_UGR
- Balbín, A., Rojas,Y.,Chica, C., y Campos,H. (2000). Efecto de la temperatura y del medio de cultivo en la productividad de dos generaciones hijas de un cruce dihibrido en *Drosophila melanogaster*. *Acta Biológica Colombiana*, Vol. (5 No. 2, 2000 47) Universidad Nacional de Colombia. Santafé de Bogotá.
- Calpena, E. (2008). Memoria de Prácticas en Valentia Biopharma. *Drosophila* como modelo para patologías genéticas. (En línea) (Consultado el 15 de diciembre de 2015) Disponible en http://facultadbiologia.usal.es/documentos/practicasempr/MemoriasPracEmpresas/ValentiaBiopharma_08_EduardoCalpena.pdf
- Castillo, J. (2011). Probabilidad y herencia. Chapingo, México. (Consultado el 15 de Diciembre de 2016) Recuperado de <http://es.slideshare.net/lupita2312/tema-9-probabilidad-y-herencia>
- Development of the Fruit Fly. *Drosophila melanogaster* (s.f.). Consultado en Febrero 11, 2016, de <http://www.d.umn.edu/~pschoff/documents/08Drosophila.pdf>
- Elston, R.C., Stewart J. (1971). A General Model for the Genetic Analysis of Pedigree Data. Karger. Vol. (21, No. 6, 1971). DOI:10.1159/000152448.



- Donoso, C., Premoli, A., Gallo, L., y Ipinza, I. (2004). Modos de selección y fuentes de variación. *Variación intraespecífica en las especies arbóreas de los bosques templados de Chile y Argentina*. Editorial Universitaria. Santiago de Chile. (p. 44).
- García-Herreros de García, C. 1984. Laboratorio de genética Bucaramanga, Col. : UIS, Dpto. de Biología, 1984.
- Garzón, N. (2016) Guía de laboratorio de genética: Ligamiento. Escuela de Biología, Universidad Industrial de Santander.
- Gómez, H. (2008). Tipos de mutaciones. (Consultado el 13 de marzo de 2016) (En línea) Recuperado de: <http://benitobios.blogspot.com.co/2008/11/tipos-de-mutaciones.html>
- Guerrero, M. (s.f.). Las Moscas de la Fruta. Madrid, España. Revista de la SECA nº 1. Pág. 17-23. (En línea) (Consultado el 15 de diciembre de 2015) Disponible en [http://www.lamarabunta.org/videos/cria%20de%20drosophila%20por%20miguel%20guerrero\(seca\).pdf](http://www.lamarabunta.org/videos/cria%20de%20drosophila%20por%20miguel%20guerrero(seca).pdf)
- Horwitz, M. (1997). *Citogenética Clínica*. Universidad de Washington. (Consultado el 13 de marzo de 2016) Recuperado de: <http://biomodel.uah.es/citogene/horwitz/cytogen3.htm>
- Interferencia y coincidencia. (s. f.). (Consultado el 15 de Febrero, 2016) (En línea) Recuperado de http://dataoteca.unad.edu.co/contenidos/203028/Modulo_en_formato_EXE/curso/leccin_39_interferencia_y_coincidencia.html
- Klug, W., Cummings, M. & Spencer, C. (2006) Conceptos de Genética. 8va edición. PEARSON. (1-3), 2-45.
- Las Epistasis (s. f.). (Consultado el 15 de Diciembre, 2016) Recuperado de http://dataoteca.unad.edu.co/contenidos/201105/201105/leccin_28las_epistasis.html
- León, A. (2012). Variabilidad, adaptación y evolución. (Consultado del 13 de marzo de 2016) Recuperado de: <http://www.drosophila.es/blog/2012/01/03/variabilidad-adaptacion-y-evolucion/>
- Donoso, C., Premoli, A., Gallo, L., y Ipinza, I. (2004). Modos de selección y fuentes de variación. *Variación intraespecífica en las especies arbóreas de los bosques templados de Chile y Argentina*. Editorial Universitaria. Santiago de Chile. (p. 44).
- García-Herreros de García, C. 1984. Laboratorio de genética Bucaramanga, Col. : UIS, Dpto. de Biología, 1984.
- Garzón, N. (2016) Guía de laboratorio de genética: Ligamiento. Escuela de Biología, Universidad Industrial de Santander.
- Gómez, H. (2008). Tipos de mutaciones. (Consultado el 13 de marzo de 2016) (En línea) Recuperado de: <http://benitobios.blogspot.com.co/2008/11/tipos-de-mutaciones.html>
- Guerrero, M. (s.f.). Las Moscas de la Fruta. Madrid, España. Revista de la SECA nº 1. Pág. 17-23. (En línea) (Consultado el 15 de diciembre de 2015) Disponible en [http://www.lamarabunta.org/videos/cria%20de%20drosophila%20por%20miguel%20guerrero\(seca\).pdf](http://www.lamarabunta.org/videos/cria%20de%20drosophila%20por%20miguel%20guerrero(seca).pdf)
- Horwitz, M. (1997). *Citogenética Clínica*. Universidad de Washington. (Consultado el 13 de marzo de 2016) Recuperado de: <http://biomodel.uah.es/citogene/horwitz/cytogen3.htm>
- Interferencia y coincidencia. (s. f.). (Consultado el 15 de Febrero, 2016) (En línea) Recuperado de http://dataoteca.unad.edu.co/contenidos/203028/Modulo_en_formato_EXE/curso/leccin_39_interferencia_y_coincidencia.html
- Klug, W., Cummings, M. & Spencer, C. (2006) Conceptos de Genética. 8va edición. PEARSON. (1-3), 2-45.
- Las Epistasis (s. f.). (Consultado el 15 de Diciembre, 2016) Recuperado de http://dataoteca.unad.edu.co/contenidos/201105/201105/leccin_28las_epistasis.html
- León, A. (2012). Variabilidad, adaptación y evolución. (Consultado del 13 de marzo de 2016) Recuperado de: <http://www.drosophila.es/blog/2012/01/03/variabilidad-adaptacion-y-evolucion/>



- León, J. (1968). Mutaciones somáticas. *Fundamentos botánicos de los cultivos vegetales* (p. 19). Icca.
- Matta, C.N.E. 2010. La mosca de la fruta: Drosophila melanogaster como organismo modelo en genética Nubia E. Matta C.[y otros] ; Nubia E. Matta C., editora. Bogotá: Universidad Nacional de Colombia, 2010.
- Mutaciones (2010) (Consultado del 13 de marzo de 2016) (En línea) Recuperado de <https://flalda.wordpress.com/2010/03/17/mutaciones/>
- Pierce, B. (2009) Genética: Un enfoque conceptual. 3^a Edición. Editorial Médica Panamericana, España. <https://goo.gl/valrqB>
- Oliva,R., Ballesca,F.,Oriola., y Claria, J. (2004). Tipos de mutaciones y frecuencia. *Genética médica.. Publications I Editions de la universidad de Barcelona.* (p.52).
- Otero, A. (s.f) La Fundación Pública Andaluza para la Investigación Biosanitaria en Andalucía Oriental- FIBAO, Medicina Molecular. <http://medmol.es/>
- Ramirez,L., y Egaña, B.(2003). Guía de conceptos de genética cuantitativa. Universidad Pública de Navarra. Recuperado de: <http://www.unavarra.es/genmic/genetica%20y%20mejora/genetica%20cuantitativa/GENETICA-CUANTITATIVA.htm>
- Sánchez, L. (1997). Determinación sexual y compensación de dosis génica en *Drosophila, Caenorhabditis* y mamíferos: aspectos comparativos. Recuperado de http://ruc.udc.es/bitstream/2183/9861/1/CC_30_art_8.pdf
- Thomas. (s.f.). Fruitvlieg of bananenvlieg. En línea) (Consultado el 15 de diciembre de 2015) Recuperado de: http://www.tuinadvies.be/artikels/fruitvlieg_of_bananenvlieg.htm
- Tipos de Mutaciones. (2013). Recuperado de: <http://www.guiametabolica.org/noticia/tipos-mutaciones>
- Zzapia,M. (2012). Genética General Guía de Trabajos Prácticos En línea) (Consultado el 15 de diciembre de 2015) Disponible en <http://goo.gl/zmXEfJ>
- León, J. (1968). Mutaciones somáticas. *Fundamentos botánicos de los cultivos vegetales* (p. 19). Icca.
- Matta, C.N.E. 2010. La mosca de la fruta: Drosophila melanogaster como organismo modelo en genética Nubia E. Matta C.[y otros] ; Nubia E. Matta C., editora. Bogotá: Universidad Nacional de Colombia, 2010.
- Mutaciones (2010) (Consultado del 13 de marzo de 2016) (En línea) Recuperado de <https://flalda.wordpress.com/2010/03/17/mutaciones/>
- Pierce, B. (2009) Genética: Un enfoque conceptual. 3^a Edición. Editorial Médica Panamericana, España. <https://goo.gl/valrqB>
- Oliva,R., Ballesca,F.,Oriola., y Claria, J. (2004). Tipos de mutaciones y frecuencia. *Genética médica.. Publications I Editions de la universidad de Barcelona.* (p.52).
- Otero, A. (s.f) La Fundación Pública Andaluza para la Investigación Biosanitaria en Andalucía Oriental- FIBAO, Medicina Molecular. <http://medmol.es/>
- Ramirez,L., y Egaña, B.(2003). Guía de conceptos de genética cuantitativa. Universidad Pública de Navarra. Recuperado de: <http://www.unavarra.es/genmic/genetica%20y%20mejora/genetica%20cuantitativa/GENETICA-CUANTITATIVA.htm>
- Sánchez, L. (1997). Determinación sexual y compensación de dosis génica en *Drosophila, Caenorhabditis* y mamíferos: aspectos comparativos. Recuperado de http://ruc.udc.es/bitstream/2183/9861/1/CC_30_art_8.pdf
- Thomas. (s.f.). Fruitvlieg of bananenvlieg. En línea) (Consultado el 15 de diciembre de 2015) Recuperado de: http://www.tuinadvies.be/artikels/fruitvlieg_of_bananenvlieg.htm
- Tipos de Mutaciones. (2013). Recuperado de: <http://www.guiametabolica.org/noticia/tipos-mutaciones>
- Zzapia,M. (2012). Genética General Guía de Trabajos Prácticos En línea) (Consultado el 15 de diciembre de 2015) Disponible en <http://goo.gl/zmXEfJ>

