

Una Calculadora de Genes para enseñar mendelismo, interacciones génicas y ligamiento

A Gene Calculator to teach mendelism, gene interaction and linkage

DOI: 10.7203/DCES.42.21008

Aaron Gálvez Salido

Universidad de Granada, aarongalvez@correo.ugr.es

ORCID iD: <https://orcid.org/0000-0002-1440-8862>

Rafael Navajas-Pérez

Universidad de Granada, rnavajas@ugr.es

ORCID iD: <https://orcid.org/0000-0002-6147-3640>

RESUMEN: La Genética Mendeliana representa el primer contacto de los estudiantes con la Genética. Aunque es fundamental para entender las bases de la herencia, no recoge dos de las grandes excepciones que se producen en la naturaleza y que alteran las proporciones mendelianas: (1) las interacciones génicas, o la acción de varios genes que contribuyen a un mismo fenotipo y (2) el ligamiento genético, o la localización de varios genes en un mismo cromosoma. En este contexto, presentamos una herramienta web denominada Calculadora de Genes que permite profundizar en ambos aspectos. Por un lado, simula cruzamientos no solo de rasgos mendelianos tradicionales, sino también de rasgos con todos los tipos de interacciones génicas existentes. Por otro lado, permite estudiar el efecto del ligamiento en las proporciones mendelianas, haciendo estimas de distancias genéticas y ofreciendo una salida con la representación gráfica de los gametos que produciría un individuo que porta varios genes ligados. Analizamos el potencial educativo de esta herramienta y proponemos una actividad práctica para su aplicación en el aula.

PALABRAS CLAVE: genética, herencia, ciencias biológicas, aprendizaje por descubrimiento, calculadora de genes

ABSTRACT: Mendelian Genetics represents the student's gateway to Genetics. Although it is essential to understand the basis of inheritance, it does not include two important exceptions occurring in nature that distort Mendelian ratios: (1) gene interactions, or the joint action of several genes contributing to the same phenotype and (2) genetic linkage, or the location of several genes on the same chromosome. On these grounds, we present the *Gene Calculator*, a web tool that allows us to delve into both aspects. On the one hand, it simulates genetic crossings not only of traditional Mendelian traits but also of traits with all types of existing gene interactions. On the other hand, it allows studying the effect of linkage on Mendelian ratios by estimating genetic distances and generating an output with the graphic representation of the gametes produced by an individual with several linked genes. Finally, we evaluate the educational potential of this tool by proposing a practical activity to be used in the classroom.

KEYWORDS: genetics, inheritance, biological science, discovery learning, gene calculator

Fecha de recepción: junio de 2021

Fecha de aceptación: noviembre de 2021

Agradecimientos: los autores quieren agradecer a D. Francisco Javier Gálvez Cabrera por su inestimable ayuda en la generación del archivo ejecutable del programa, a Dña. María Aznarte Mellado por materializar digitalmente el logotipo del simulador y a los estudiantes del Grado en Biología de la Universidad de Granada por participar en el experimento de validación.

1. MOTIVACIÓN DEL TRABAJO Y CONTEXTUALIZACIÓN

La genética mendeliana establece las reglas básicas que rigen la transmisión de las características hereditarias de padres a hijos y representa la puerta de entrada de los estudiantes al campo de la Genética. De hecho, la contribución de Gregor Mendel y sus experimentos con guisantes (Mendel, 1866), así como el redescubrimiento de sus trabajos y la elaboración definitiva de las Leyes de Mendel a principios del siglo XX (Morgan, 1916), son imprescindibles para entender los mecanismos de la herencia.

Por lo general, la Genética Mendeliana se explica en las aulas simulando, de forma teórica, cruzamientos entre parentales con genotipo conocido y analizando el genotipo de la descendencia generada y sus proporciones. Además, conociendo la relación de dominancia/recesividad entre los alelos, se establecen los fenotipos de la progenie resultante. Esto permite hacer predicciones precisas acerca de las características que presentará la descendencia a partir de una generación parental conocida. Este hecho tiene implicaciones importantes a nivel práctico, como por ejemplo en las áreas de consejo genético o mejora genética, por citar sólo dos ejemplos.

Para facilitar la comprensión e interpretación de los cruzamientos genéticos, a partir del primer tercio del siglo XX se estandarizó el uso de los llamados Cuadros de Punnett (Davis, 1993). Se trata de matrices que permiten anotar y visualizar de forma rápida los genotipos resultantes de un cruzamiento dado y son especialmente útiles cuando el número de genes implicados aumenta: así, la primera fila y la primera columna de la matriz representan los gametos de uno y otro parental. El resto de espacios de la cuadrícula de la matriz generada representan cigotos y, por lo tanto, en ellos se insertan todas las combinaciones posibles entre los gametos de ambos parentales. Para ello, hacemos coincidir en cada cuadrícula los gametos que intersectan de uno y otro parental (**Figura 1**).

A pesar de lo asentada que se encuentra esta metodología, durante el desarrollo de la actividad docente, hemos constatado dos hechos que han motivado la elaboración de este manuscrito y que pretendemos contribuir a mejorar; uno es de índole conceptual y el otro de índole metodológica, tal y como sigue:

FIGURA 1. Cuadro de Punnett para el cruzamiento entre dos individuos heterocigóticos. En la primera fila y en la primera columna, en blanco, los gametos producidos por uno y otro parental, respectivamente. En el resto de casillas, todos los genotipos posibles generados en dicho cruzamiento.

		Gametos Parental 1	
		A	a
Gametos Parental 2 ↓	A	AA	Aa
	a	Aa	aa

Fuente: elaboración propia

(1) El enfoque tradicional de las asignaturas básicas de Genética tiende a ser simplista y ofrece al estudiante la falsa idea de que el tipo de herencia predominante en la naturaleza es la dominancia completa, sin tener en cuenta otros muchos factores que moldean la expresión de los distintos rasgos en la naturaleza (Batzli et al., 2014). Además, tiende a considerar erróneamente que los alelos dominantes son más frecuentes, se heredan con mayor probabilidad, están menos afectados por mutaciones y que el fenotipo dominante se corresponde siempre con el fenotipo salvaje y con el fenotipo más *fuerte* (Jamieson & Radick, 2013).

(2) La realización de cuadros de Punnett es fundamental para la interpretación de cruzamientos genéticos, pero la elaboración manual dificulta y ralentiza el proceso de aprendizaje, particularmente cuando el número de genes aumenta y/o consideramos interacciones génicas o genes ligados. Las herramientas digitales que están a disposición del estudiantado en relación a este tema, a menudo, han sido desarrolladas *ad hoc* de forma local, utilizando recursos de programación limitados y su publicitación y accesibilidad son reducidas.

En contexto educativo, se han desarrollado algunas herramientas que permiten la realización de cuadros de Punnett. Probablemente, la más completa sea la desarrollada por Andrew Staroscik para su web SciencePrimer (<https://scienceprimer.com/punnett-square-calculator>). Sin embargo, no hemos encontrado en la literatura ningún simulador que permita trabajar con interacciones génicas, característica que sí hemos implementado en nuestra Calculadora de Genes. Tampoco existen herramientas educativas que permitan analizar cómo afecta el ligamiento a las proporciones fenotípicas resultantes de un cruzamiento determinado. En 2000, Vaca Peñas escribió y publicó un software que permitía observar el efecto del ligamiento en varios genes de la mosca de la fruta, *Drosophila melanogaster*. Sin embargo, este programa no permite modificar dichas distancias. A nuestro criterio, su utilidad es limitada, por lo que hemos implementado esta posibilidad en el simulador web que aquí presentamos.

2. OBJETIVOS

El objeto principal de este artículo es el de facilitar la enseñanza de la Genética en distintos contextos educativos y proporcionar una herramienta para demostrar cómo se ven afectadas las proporciones mendelianas por dos de las extensiones al mendelismo más importantes. Para su consecución, nos hemos propuesto los siguientes objetivos:

En relación al desarrollo de la herramienta web:

- Diseñar un simulador que permita automatizar la realización de cruzamientos para genes con herencia mendeliana simple y entre genes con distintos tipos de interacción y que, como resultado, proporcione al usuario los cuadros de Punnett resultantes, así como la representación gráfica de los fenotipos de la descendencia y sus frecuencias.

- Diseñar un simulador que permita realizar cruzamientos para genes ligados y que, como resultado, proporcione al usuario los tipos de gametos producidos y su proporción así como una representación gráfica de la posición física de los alelos en una pareja cromosómica y, a la inversa calcular la distancia entre dos o tres genes introduciendo la descendencia obtenida de un cruzamiento realizado a tal efecto.

En relación al testeo de la herramienta web:

- Proporcionar un entorno de aprendizaje virtual basado en dicho simulador, a través de una herramienta web, con un interfaz amigable y sencilla de usar.

- Testar el simulador mediante una encuesta de satisfacción que permita obtener datos preliminares sobre su compleción, su potencial académico y su usabilidad.

3. METODOLOGÍA

3.1. Desarrollo del software

Arquitectura y estructura del software

El simulador es un proyecto ASP.NET de Visual Studio escrito en Visual Basic. Ha sido implementado para ser alojado en un servidor web y ser accedido a través de un navegador desde cualquier ordenador o dispositivo electrónico conectado a internet y con acceso a un navegador web. El funcionamiento de la página se fundamenta en tres tipos de interacciones: (1) las

pulsaciones de botones, (2) las listas desplegables de elementos y (3) las entradas de teclado. Estas últimas se realizan a través de cajas de texto y pueden ser de dos tipos: letras para designar a los alelos y su posición o números para introducir la distancia entre genes o el número de individuos resultantes de un cruzamiento. Las variables introducidas son tratadas como *string* de forma que son reconocidas como cadenas de caracteres, lo que permite realizar las reordenaciones y transformaciones necesarias.

Accesibilidad

La Calculadora de Genes se encuentra alojada en un host Windows accesible libremente desde cualquier dispositivo electrónico con conexión a internet, independientemente de su sistema operativo, a través de un navegador web en la URL permanente: <https://calculadoragenes.azurewebsites.net/>. Bajo demanda, se puede facilitar a los usuarios un archivo ejecutable (.exe) que puede instalarse en cualquier dispositivo con sistema operativo Windows, creando un servidor web local en el que corre el simulador y al que se accede desde cualquier navegador web, no siendo necesaria tras la instalación una conexión a internet.

Para facilitar la usabilidad, los cuadros de texto de todas las simulaciones de cruzamientos aparecen autocompletados con un ejemplo de utilización. Además, se ha incluido una página de ayuda que permite resolver los problemas que puedan surgir durante la utilización del simulador.

3.2. Propuesta de aplicación práctica

Participantes y contexto

Un grupo de 36 estudiantes de la asignatura obligatoria de 6 ECTS *Genética I: de los genes a las poblaciones* del Grado en Biología de la Universidad de Granada han participado en una experiencia piloto. Dicha asignatura se imparte en el primer semestre del 2º curso, es el primer contacto con la Genética para los estudiantes de este grado y su programa incluye conceptos de Genética clásica, esto es, Mendelismo, Teoría Cromosómica de la Herencia y Genética de Poblaciones. Esta asignatura es una introducción a los conceptos de Genómica, Genética Molecular e Ingeniería Genética que se tratan en la asignatura *Genética II: de la secuencia a la función*, también obligatoria, de igual carga lectiva e impartida en el segundo semestre del mismo curso. Es recomendable, aunque no obligatorio, haber cursado y aprobado la primera para un óptimo rendimiento en la segunda.

Diseño de la tarea

La tarea consiste en una actividad voluntaria no presencial. El encargo se realizó después de haber completado el programa teórico y práctico de la asignatura, y se concibió como parte de la preparación del examen escrito. Se premió con 0,5 puntos extra sobre la nota final a todos aquéllos que lo completaron satisfactoriamente. La tarea consistió en la realización de 15 problemas de genética mendeliana y sus extensiones, incluyendo todos los casos de interacción y el ligamiento genético (ver ejemplos en el **Material Suplementario**) valiéndose de la Calculadora de Genes para realizar los cálculos necesarios cuando fuera posible o necesario. El plazo de entrega se estableció en 15 días.

Instrumentos para la toma de datos

La entrega de la relación de problemas solucionados se llevó a cabo haciendo uso de la plataforma de recursos docentes de la universidad. Además, los participantes en la experiencia

cumplimentaron una encuesta de satisfacción del usuario (disponible en <https://forms.gle/5gkpCWaWt1TBUenKA>), en la que se les cuestionaba sobre tres aspectos fundamentales en relación al uso de la aplicación web: (1) compleción y percepción de la dificultad de los conceptos utilizados [bloque 1, preguntas 1 a 9], (2) aplicación educativa [bloque 2, preguntas 10 a 21] y (3) usabilidad de la aplicación web [bloque 3, preguntas 22 a 28]. Las preguntas permitían respuestas en forma de escala de Likert de cinco valores, variando desde 1 (totalmente en desacuerdo) hasta 5 (totalmente de acuerdo). A partir de las respuestas obtenidas, se generó una base de datos con el puntaje obtenido en cada ítem. Se calculó la frecuencia de cada uno de los valores de Likert y se elaboraron gráficas de 360 grados. Además, para cada pregunta se obtuvieron los valores medios y la moda. Los datos de cada bloque de preguntas se consideraron por separado. Finalmente, se incluyeron en el cuestionario tres preguntas de respuesta abierta para que el encuestado reflejara los aspectos más positivos, los más negativos y los mejorables del simulador.

Propuesta de uso en el aula

La Calculadora de Genes está pensada, fundamentalmente, para la realización de trabajo autónomo por parte del estudiante y, dado que se trata de una herramienta que automatiza cálculos rutinarios, es especialmente recomendable para actividades de refuerzo o repaso. No obstante, es posible utilizarla en otros momentos del proceso de enseñanza-aprendizaje, como son las actividades de ampliación.

Así las cosas, una vez introducidos los conceptos teóricos, una posible propuesta de implantación incluiría programar hasta tres sesiones prácticas de refuerzo de una hora cada una. Con ellas se trabajará de forma independiente mendelismo, interacción génica y ligamiento. El estudiante deberá resolver por sí mismo los problemas propuestos por el profesor y comprobará los resultados en equipo valiéndose de la Calculadora (para encontrar algunos ejemplos, en el **Material Suplementario**, ver problemas 1 y 2, 3 a 8 y 9 y 10, para mendelismo, interacciones génicas y ligamiento, respectivamente). Estas sesiones servirán, además, para que el estudiante se familiarice con el funcionamiento del simulador. Es importante respetar este orden en la programación de las sesiones porque utilizar la Calculadora sin haber aprendido anteriormente a realizar los cálculos de forma manual podría dificultar el proceso de asimilación del contenido.

Finalmente, se sugiere programar una sesión de una hora que muestre la transversalidad y la integración de conceptos. Se pretende la comprensión global de cómo las distintas excepciones modifican las proporciones fenotípicas mendelianas (ver, por ejemplo, problema 4 del **Material Suplementario**).

4. RESULTADOS

4.1. Diseño del simulador

La Calculadora de Genes, cuyo diseño propusimos en los dos primeros objetivos de esta investigación, se ha materializado en forma de simulador web. Éste consta de tres apartados principales seleccionables desde un menú superior: (I) simulador sin interacciones, (II) simulador con interacciones y (III) simulador de ligamiento:

(I) Simulador sin interacciones: esta parte del software permite realizar cruzamientos considerando rasgos mendelianos. Esto es, genes con dos alelos y dominancia completa que se heredan independientemente. Por razones didácticas, a continuación se detallan únicamente los ejemplos más comunes de cruzamientos, aunque es posible simular todas las combinaciones de genotipos posibles empleando hasta un máximo de tres genes:

Cruzamientos considerando un gen

Cruzamientos entre homocigotos: éstos pueden ser genotípicamente iguales o no. En el primer caso, la descendencia es homocigótica e idéntica a la parental. En el segundo caso, los denominados cruzamientos monohíbridos, la descendencia es idéntica y heterocigótica. Este hecho ha sido tradicionalmente descrito como el Principio de la Uniformidad, frecuentemente elevado a categoría de Ley de Mendel.

Cruzamientos entre homocigotos y heterocigotos: dan lugar a una proporción genotípica 1:1 para homocigotos y heterocigotos.

Cruzamientos entre heterocigotos: se obtienen las proporciones genotípicas 1:2:1 para homocigotos dominantes, heterocigotos y homocigotos recesivos, respectivamente (3:1 a nivel fenotípico). Este cruzamiento es una demostración de la Ley de la Segregación de los Alelos.

Cruzamientos considerando dos genes

Cruzamientos dihíbridos: entre dobles homocigotos que difieren en dos rasgos. Toda la descendencia es uniforme y dihíbrida.

Cruzamientos entre diheterocigotos: los cruzamientos entre dihíbridos dan lugar a las proporciones fenotípicas 9:3:3:1 (proporciones fenotípicas separadas 3:1). Este hecho supone una demostración de la Ley de la Herencia Independiente de los Caracteres.

Cruzamientos considerando tres genes

Cruzamientos entre triples homocigotos: dan lugar a una descendencia idéntica triple heterocigótica.

Cruzamientos entre triples heterocigotos: da lugar a las proporciones fenotípicas 27:9:9:9:3:3:3:1.

Para llevar a cabo estas simulaciones, hemos diseñado un sistema en el que el usuario debe introducir los genotipos parentales en las cajas de texto creadas a tal efecto, hasta un máximo de tres rasgos. Para cada rasgo introducido, es posible especificar los fenotipos dominante y recesivo, también mediante las cajas de texto correspondientes. Para obtener el cuadro de Punnett resultante y el histograma de la distribución de las frecuencias fenotípicas y las proporciones usando un código de colores, basta pulsar el botón *Cruzar* (**Figura 2A**).

(II) Simulador con interacciones: aunque en la naturaleza es posible encontrar ejemplos de redes compuestas por un gran número de genes que interactúan entre sí, el simulador considera únicamente ejemplos de interacciones entre parejas de genes. Para los cálculos de proporciones fenotípicas utilizaremos como referencia las proporciones 9:3:3:1 resultantes de un cruzamiento entre individuos dihíbridos y estudiaremos cómo éstas se ven afectadas cuando actúan las diferentes interacciones (**Tabla 1**), pero es posible realizar cruzamientos con todas las combinaciones posibles de genotipos parentales. El simulador incluye los dos grandes grupos de interacciones existentes, las no epistáticas y las epistáticas.

Interacciones no epistáticas: en éstas los genes que controlan el rasgo actúan en rutas metabólicas separadas, no quedando el efecto de ninguno de ellos enmascarado. Existen, a su vez, tres categorías principales:

Interacción génica sin alteración de las proporciones mendelianas: por tanto se mantienen las proporciones 9:3:3:1 en los cruzamientos entre dihíbridos.

Cooperación de genes: hay una modificación de las proporciones 9:3:3:1 hacia las proporciones 9:6:1, como consecuencia de que individuos con los genotipos A₁bb y aaB₁ presentan el mismo fenotipo (ver **Tabla 1**).

Genes modificadores: en la que uno de los genes implicados en la interacción actúa como modificador o modulador de la expresión del otro (produciendo, por ejemplo, expresión del fenotipo resultante del gen modulado intensa, intermedia o tenue). Múltiples variaciones de las proporciones mendelianas son posibles.

Interacciones epistáticas: en este tipo de interacción los genes pertenecen a una misma ruta metabólica, siendo el producto de uno el sustrato del siguiente. En consecuencia, en las interacciones epistáticas simples el efecto de uno de los genes (gen hipostático) queda suprimido o enmascarado por la acción del otro (gen epistático). En las interacciones epistáticas dobles, la interacción es bidireccional y ambos genes tienen la capacidad de enmascarar el efecto del otro. Los tipos de epistasia existentes, recogidos en la **Tabla 1**, son los siguientes:

Epistasia simple dominante: el alelo dominante del gen epistático determina el fenotipo del individuo. Al cruzar dos diheterocigotos se obtienen tres fenotipos en proporción 12:3:1.

Epistasia simple recesiva: los alelos recesivos del gen epistático determinan el fenotipo del individuo. Al cruzar dos diheterocigotos se obtienen tres fenotipos en proporción 9:3:4.

Epistasia doble dominante: los alelos dominantes de ambos genes determinan un mismo fenotipo. Al cruzar dos diheterocigotos se obtienen dos fenotipos en proporción 15:1.

Epistasia doble recesiva: los alelos recesivos de ambos genes determinan un mismo fenotipo. Al cruzar dos diheterocigotos se obtienen dos fenotipos en proporción 9:7.

Epistasia doble dominante-recesiva: el alelo dominante de uno de los genes y los recesivos del otro determinan un mismo fenotipo. Al cruzar dos diheterocigotos se obtienen dos fenotipos en proporción 13:3.

Siguiendo el mecanismo expuesto para los cruzamientos sin interacción, para simular cada uno de los tipos de epistasia el usuario debe introducir los genotipos parentales para dos rasgos en las cajas de texto. Para obtener el cuadro de Punnett correspondiente y el histograma de la distribución de las frecuencias fenotípicas y las proporciones usando un código de colores, basta pulsar el botón correspondiente a la interacción que se desee simular (cualquiera de las interacciones principales existentes, mencionadas en la introducción de este artículo, ver **Tabla 1** y **Figura 2B**). En las interacciones por genes moduladores, el gen que ocupa el segundo lugar es el gen modulador que, además, presenta herencia intermedia (según la fórmula, AA: expresión total, Aa: expresión intermedia, aa: expresión mínima). En las epistasias simples, el gen que ocupa el primer lugar es el gen epistático, siendo el segundo el hipostático. En la epistasia doble dominante-recesiva, el primer gen es el epistático en dominancia y el segundo, el epistático en recesividad. Todo esto se encuentra convenientemente detallado en la página de ayuda del simulador.

FIGURA 2. Capturas de pantalla del simulador con los resultados de cruzamientos para (A, arriba) rasgos mendelianos simples y (B, abajo) rasgos afectados por interacciones génicas (en este caso, una epistasis simple dominante).

Herencia mendeliana simple

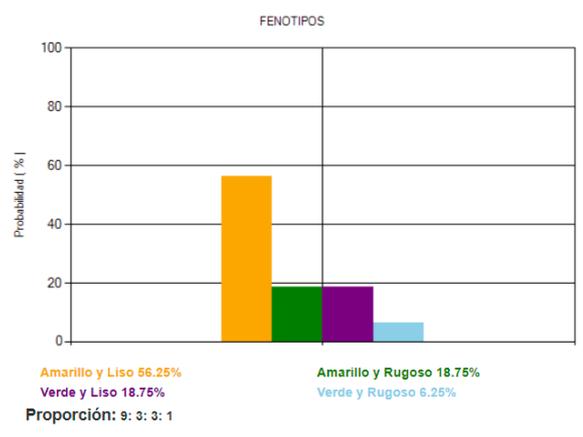
Parentales

Para el genotipo de los parentales, introduzca un máximo de tres genes con dos alelos cada uno (máximo 6 alelos, mínimo 2). Las letras mayúsculas indican dominancia y las minúsculas recesividad. Use la misma letra para cada gen. [\[Ayuda\]](#)

Genotipo del padre: Genotipo de la madre:

Cruzamientos

		Gametos del padre			
G. de la madre		AB	Ab	aB	ab
AB		AABB	AABb	AaBB	AaBb
Ab		AABb	AAbb	AaBb	Aabb
aB		AaBB	AaBb	aaBB	aaBb
ab		AaBb	Aabb	aaBb	aabb



Indique el fenotipo dominante y recesivo para cada uno de los rasgos:

Rasgo 1
 Fenotipo dominante:
 Fenotipo recesivo:

Rasgo 2
 Fenotipo dominante:
 Fenotipo recesivo:

Rasgo 3
 Fenotipo dominante:
 Fenotipo recesivo:

Herencia mendeliana con interacciones

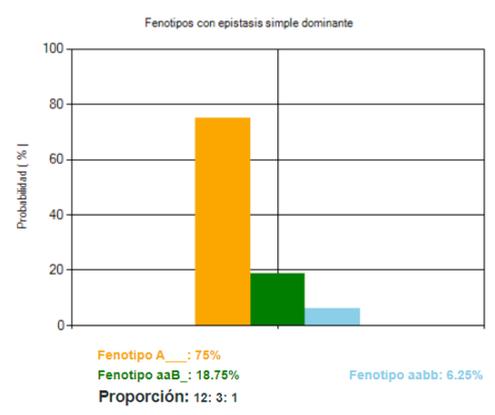
Parentales

Para el genotipo de los parentales, introduzca dos genes con dos alelos cada uno (4 alelos). Las letras mayúsculas indican dominancia y las minúsculas recesividad. Use la misma letra para cada gen. [\[Ayuda\]](#)

Genotipo del padre: Genotipo de la madre:

Cruzamientos

		Gametos del padre			
G. de la madre		AB	Ab	aB	ab
AB		AABB	AABb	AaBB	AaBb
Ab		AABb	AAbb	AaBb	Aabb
aB		AaBB	AaBb	aaBB	aaBb
ab		AaBb	Aabb	aaBb	aabb



Pulse uno de los botones para comprobar la variación de las frecuencias fenotípicas según el tipo de interacción:

- | | | |
|---|---|--|
| <input type="button" value="Interacción génica"/> | <input type="button" value="Cooperación de genes"/> | <input type="button" value="Genes moduladores"/> |
| <input type="button" value="Epistasis dominante"/> | <input type="button" value="Epistasis recesiva"/> | <input type="button" value="Epistasis doble dominante"/> |
| <input type="button" value="Epistasis doble recesiva"/> | <input type="button" value="Epistasis doble dominante-recesiva"/> | |

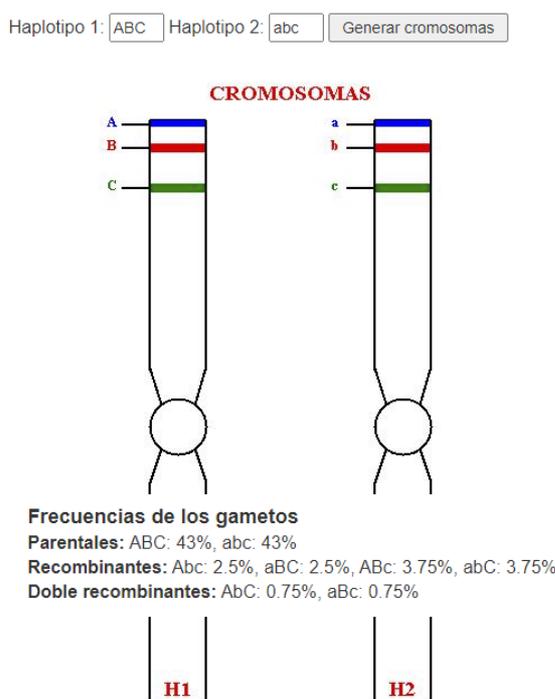
Fuente: Calculadora de Genes

TABLA 1. Clasificación de los principales tipos de interacción génica, tanto epistáticas como no epistáticas, frecuencias fenotípicas producidas en la descendencia del cruzamiento de dos dihíbridos y su comparación con las proporciones mendelianas.

		A_B_	A_bb	aaB_	aabb
SIN INTERACCIÓN	Proporciones mendelianas	9	3	3	1
SIN EPISTASIS	Interacción génica	9	3	3	1
	Cooperación de genes	9	6		1
	Genes moduladores	Múltiples fenotipos			
CON EPISTASIS	Epistasis simple dominante	12		3	1
	Epistasis simple recesiva	9	3	4	
	Epistasis doble dominante	15			1
	Epistasis doble recesiva	9	7		
	Epistasis doble dominante-recesiva	13		3	

Fuente: elaboración propia

FIGURA 3. Captura de pantalla (editada) del simulador de ligamiento con la disposición de tres genes (ABC) en un par cromosómico y el tipo y proporción de gametos generados para los haplotipos ABC/abc y las distancias A-B: 10cM y B-C: 15cM.



Fuente: Calculadora de Genes

(III) Simulador de ligamiento: esta parte del simulador analiza el efecto del ligamiento en las proporciones mendelianas. Utiliza la relación entre la frecuencia de recombinación y la distancia entre dos *loci*, para calcular el tipo y la proporción de gametos producidos por un individuo del que conocemos su genotipo (hasta cuatro genes ligados, con distancia entre ellos conocida).

El sistema de interacción con el usuario que hemos diseñado para este apartado se basa en listas desplegables y cajas de texto. En primer lugar, es necesario seleccionar el número de genes de la primera lista. A continuación, aparece una caja de texto donde se debe especificar el orden de los mismos en el cromosoma para pulsar *Ingresar*. Una vez especificado el orden se introduce en las cajas de texto la distancia entre los genes (en CentiMorgans) y se pulsa el botón *Ingresar*. Por

último, es necesario especificar los haplotipos o tipo de alelos que se encuentran en el cromosoma y en su homólogo. Es necesario especificar los alelos en el mismo orden introducido anteriormente en las cajas de texto de esta sección. Una vez se han completado todos los campos requeridos, se pulsa *Generar cromosomas* para obtener una representación gráfica del par cromosómico con la posición relativa de los alelos, así como el tipo de gametos producidos y sus frecuencias (**Figura 3**).

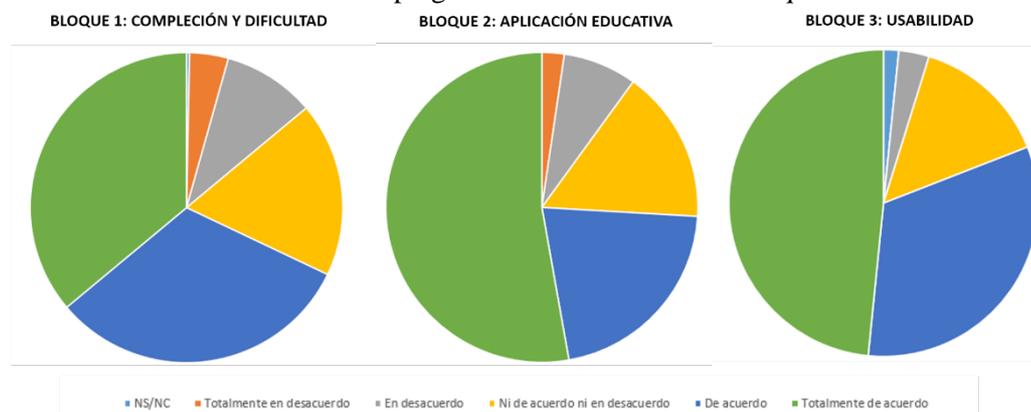
Además, el simulador permite estimar la distancia entre genes para mapas de dos y tres puntos. En estos casos, el usuario tendrá que facilitar los datos obtenidos a partir de un cruzamiento de prueba de un individuo di- o triheterocigótico (por ejemplo, AaBbCc x aabbcc), indicando número de recombinantes y tamaño total de la progenie, en el caso de mapas de dos puntos, y orden de los marcadores, incluyendo el marcador que ocupa la posición central, número de dobles recombinantes, número de recombinantes simples de la región I, número de recombinantes simples de la región II y tamaño total de la progenie, en el caso de mapas de tres puntos.

4.2. Testeo del simulador como entorno de aprendizaje virtual

Este apartado se corresponde con los objetivos tres y cuatro de esta investigación y se basa en las respuestas obtenidas en la encuesta de satisfacción y en la tarea completada por los estudiantes, descritas en el apartado de Metodología.

Las respuestas obtenidas para el primer bloque de preguntas (**Tabla 2**) indican un nivel muy elevado de conformidad con las afirmaciones sobre la compleción de la Calculadora de Genes y un consenso elevado entre los encuestados (67,9% se mostraron de acuerdo o muy de acuerdo con dichas afirmaciones) (**Figura 4**). Esto es cierto, principalmente, para las preguntas relacionadas con simulaciones de cruzamientos con y sin interacción (valores medios superiores a 4 y modas de 4 y 5). En cambio, el nivel de conformidad disminuye ligeramente para las simulaciones de ligamiento (valores medios en torno a 3,50 y modas de 3 y 4). Este hecho podría deberse a que la aplicación web ha sido testada para la realización de problemas de ligamiento de planteamiento directo (esto es, los que permiten calcular tipos y frecuencias de gametos a partir de distancias genéticas) y no de planteamiento inverso (esto es, a partir de una progenie obtenida de parentales de genotipo conocido, calcular distancia entre genes). Esta hipótesis está soportada por dos datos; el primero proviene de la retroalimentación proporcionada por los encuestados, muchos de los cuales ponen de manifiesto esta cuestión, y el segundo proviene de la percepción que tiene el encuestado de la dificultad baja de los conceptos trabajados con la aplicación (media de 2,36 y moda de 3) en relación a su nivel de conocimiento, como demuestra su autopercepción (la mayoría expresa la necesidad de haber estudiado genética para el máximo aprovechamiento de la aplicación web; valor medio y moda de 4,11 y 4, respectivamente).

FIGURA 4. Gráficos de 360 grados en los que se muestran los porcentajes del grado de acuerdo de los encuestados con las preguntas de cada uno de los bloques.



Fuente: elaboración propia

TABLA 2. Resultados agregados de las preguntas relativas a la compleción de la Calculadora de Genes

Pregunta	Media	Moda
La <i>Calculadora de Genes</i> incluye los conceptos necesarios para entender las Leyes de Mendel	4,53	5
La <i>Calculadora de Genes</i> incluye los conceptos necesarios para entender la interacción génica	4,14	5
La <i>Calculadora de Genes</i> incluye los conceptos necesarios para entender el ligamiento genético	3,56	3
Tras usar la <i>Calculadora de Genes</i> entiendo mejor las Leyes de Mendel	4,17	5
Tras usar la <i>Calculadora de Genes</i> entiendo mejor la interacción génica	4,08	4
Tras usar la <i>Calculadora de Genes</i> entiendo mejor el ligamiento	3,50	4
Los conceptos que explica la <i>Calculadora de Genes</i> son difíciles	2,36	3
El nivel requerido para hacer ensayos de ligamiento con la <i>Calculadora de Genes</i> se adecua a mis conocimientos	4,37	5
Es necesario haber estudiado anteriormente Genética para usar sacar partido a la <i>Calculadora de Genes</i>	4,11	4

Fuente: elaboración propia

En este sentido, y atendiendo a los resultados del segundo bloque de preguntas (**Tabla 3**), el acuerdo mostrado en lo referente a la adquisición de nuevos conocimientos es moderado (2,83, 3,58 y 3,42 para simulaciones sin interacción, con interacción y ligamiento, respectivamente). Sin embargo, de forma global, la Calculadora es percibida como una herramienta útil en ambientes educativos (74,07% se muestran de acuerdo o muy de acuerdo con las afirmaciones de este bloque de preguntas, que cuestiona sobre este aspecto) (**Figura 4**). En concreto, el simulador es valorado muy positivamente para repasar o recordar conceptos (medias de 4,36, 4,44 y 4,25 para simulaciones sin interacción, con interacción y ligamiento, respectivamente y modas de 5), así como para la realización cálculos rutinarios requeridos en problemas de genética de estas temáticas (medias de 4,75, 4,58 y 4,03 para simulaciones sin interacción, con interacción y ligamiento, respectivamente y modas de 5). Esto viene ratificado por el acuerdo mayoritario de los encuestados en relación a la inclusión de la Calculadora de Genes en la rutina de estudio y preparación de pruebas (media y moda de 4,25 y 5, respectivamente), en ambientes educativos (media y moda de 4,81 y 5, respectivamente) y en las actividades presenciales en el aula en sustitución de otras tradicionales (media y moda de 4,44 y 5, respectivamente).

Para llevar a cabo una doble comprobación y demostrar que la percepción del estudiante en cuanto al potencial didáctico de la aplicación se materializa en resultados tangibles, llevamos a cabo la calificación de la actividad de resolución de problemas propuesta. Así, en ésta los estudiantes obtuvieron un promedio de 12,84 de 15 puntos totales posibles; siendo el promedio de las preguntas de cada uno de los bloques similar (0,89, 0,84 y 0,86 de 1 punto total posible por pregunta, para problemas sin interacción, con interacción y ligamiento, respectivamente). Además, las preguntas que podían ser resueltas únicamente con la ayuda de la Calculadora obtuvieron de media una mayor calificación que las que requerían de algún otro cálculo adicional no incluido en la aplicación.

TABLA 3. Resultados agregados de las preguntas relativas a la aplicabilidad de la Calculadora de Genes

Pregunta	Media	Moda
Usando la <i>Calculadora de Genes</i> he recordado las Leyes de Mendel	4,36	5
Usando la <i>Calculadora de Genes</i> he recordado conocimientos sobre interacción génica	4,44	5
Usando la <i>Calculadora de Genes</i> he recordado conocimientos sobre ligamiento	4,25	5
Usando la <i>Calculadora de Genes</i> he adquirido nuevos conocimientos sobre las Leyes de Mendel	2,83	2
Usando la <i>Calculadora de Genes</i> he adquirido nuevos conocimientos sobre interacción génica	3,58	3

Usando la <i>Calculadora de Genes</i> he adquirido nuevos conocimientos sobre ligamiento	3,42	3
La <i>Calculadora de Genes</i> me ha facilitado la realización de actividades relacionadas con las Leyes de Mendel	4,75	5
La <i>Calculadora de Genes</i> me ha facilitado la realización de actividades relacionadas con la interacción génica	4,58	5
La <i>Calculadora de Genes</i> me ha facilitado la realización de actividades relacionadas con el ligamiento	4,03	5
La <i>Calculadora de Genes</i> sirve para preparar exámenes y pruebas de evaluación	4,25	5
La <i>Calculadora de Genes</i> podría usarse en un ambiente educativo (instituto, colegio, academia, universidad)	4,81	5
La <i>Calculadora de Genes</i> serviría para reemplazar algunas de las actividades tradicionales de clase	4,44	5

Fuente: elaboración propia

Las repuestas al tercer bloque de preguntas reflejan un alto grado de satisfacción de los encuestados en cuanto al usabilidad de la aplicación web se refiere. El 80,95% de los encuestados se muestra de acuerdo o muy de acuerdo con las afirmaciones de las preguntas de este bloque (**Figura 4**). Además, se obtuvieron valores medios superiores a 4 y modas de 5 en todos los casos salvo para la pregunta relacionada con las simulaciones de ligamiento (**Tabla 4**). En concreto, es destacable la percepción de facilidad que observa el estudiante en la realización de cruzamientos sin interacción (media de 4,83), con interacción (media de 4,39) y ligamiento (media de 3,89). El manual de funcionamiento y la explicación teórica proporcionados a través del archivo de ayuda fueron percibidos como recursos útiles (media de 4). Por último, los encuestados manifestaron un alto grado de satisfacción general (media de 4,42) y la posibilidad de recomendar este recurso a otros compañeros (media de 4,33).

TABLA 4. Resultados agregados de las preguntas relativas a la usabilidad de la Calculadora de Genes

Pregunta	Media	Moda
Simular cruzamientos sin interacción es sencillo con la <i>Calculadora de Genes</i>	4,83	5
Simular cruzamientos con interacción es sencillo con la <i>Calculadora de Genes</i>	4,39	5
Realizar ensayos de ligamiento es sencillo con la <i>Calculadora de Genes</i>	3,89	5
La ayuda de la web que explica su funcionamiento es clara	4	4
La información teórica adicional de la web es útil	4	5
Recomendaría este recurso a otros compañeros	4,42	5
En general, estoy satisfecho/a con la experiencia	4,33	5

Fuente: elaboración propia

Gracias a la retroalimentación recibida a través de las preguntas abiertas del cuestionario, sabemos que el encuestado valora principalmente la facilidad de uso de la aplicación, el ahorro de tiempo en la realización de cálculos rutinarios y, de forma significativa, la utilidad de ésta para comprobar cálculos previamente realizados a mano. Finalmente, atendiendo a las sugerencias recibidas, hemos podido detectar y corregir algunos *bugs*, refinar la aplicación y mejorar algunos aspectos de diseño y usabilidad del programa.

5. CONCLUSIONES

- Hemos generado una herramienta web accesible desde cualquier ordenador o dispositivo móvil con conexión a internetⁱ, denominada Calculadora de Genes. Ésta reúne, en una única plataforma, una herramienta que permite automatizar la simulación de cruzamientos entre individuos considerando genes con herencia mendeliana simple, genes con interacción génica y genes ligados, analizar las frecuencias fenotípicas obtenidas y testar cómo se verían modificadas las proporciones mendelianas en cada caso.

- Introduciendo los genotipos parentales, la Calculadora de Genes arroja, de forma intuitiva y usando un código de colores, los cuadros de Punnett con los genotipos generados y sus frecuencias, así como los histogramas con los fenotipos generados y sus frecuencias.
- Además, el simulador permite comprobar el efecto del ligamiento en la herencia de los distintos rasgos, proporcionando la frecuencia de gametos generados por un individuo con hasta cuatro genes ligados y la representación gráfica de la posición de los alelos en el par cromosómico en cuestión, así como la distancia entre dos o tres puntos de un mapa a partir de datos de progenies obtenidas en cruzamientos de prueba.
- Para el grupo de estudiantes encuestado en la experiencia piloto, la Calculadora de Genes es una herramienta útil para repasar conceptos que, además, facilita y reduce el tiempo de realización de problemas de tipo práctico, automatizando los cálculos requeridos para su resolución. Así lo corroboran las calificaciones obtenidas por los estudiantes tras la realización de una batería de problemas resueltos usando la aplicación. En cambio, la aplicación no es mayoritariamente percibida como un elemento útil para adquirir nuevo conocimiento.
- La Calculadora de Genes es percibida como una herramienta potencialmente utilizable en ambientes educativos, por lo que podría servir para diseñar contenidos o complementar prácticas de simulación en cursos de Genética.

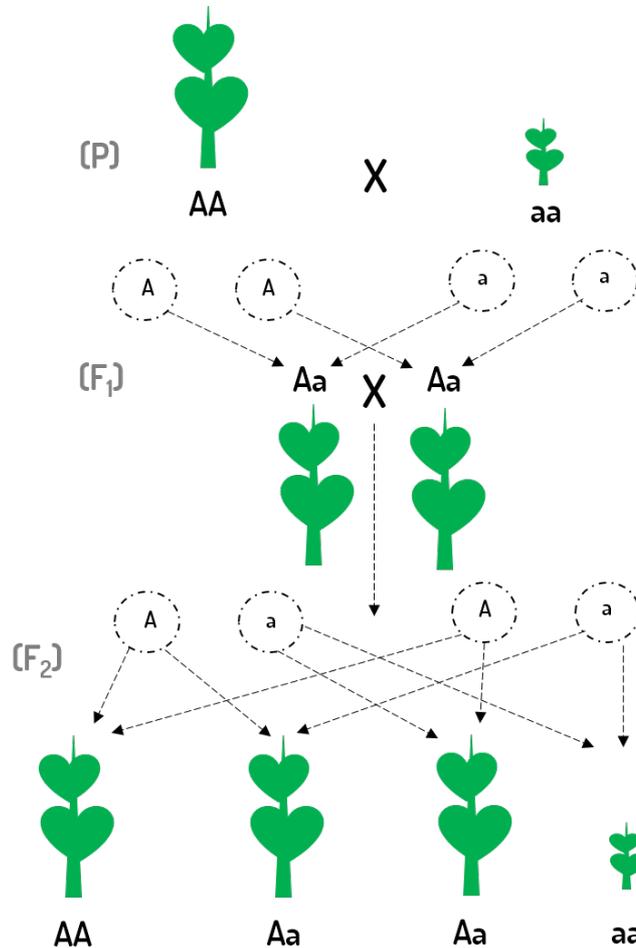
(¹) Para entornos con dificultades de conexión a internet es posible instalar el programa en local. Para ello, escriba un correo de solicitud del fichero ejecutable a rnavajas@ugr.es.

6. MEMORÁNDUM

6.1. Los principios básicos de la herencia genética y su estudio

Las dos ideas fundamentales que subyacen a las Leyes de Mendel son: por un lado, que la herencia es de naturaleza *particulada*. Esto significa que cada rasgo está determinado por dos alelos (los *elementen* o factores hereditarios de Mendel) que se unen durante la fecundación, pero que vuelven a separarse durante la formación de los gametos (**Figura S1**). Este hecho se corresponde con la Primera Ley de Mendel o Ley de la Segregación de los Alelos y supone la abolición de los postulados de la herencia mezclada, según los cuales los mecanismos hereditarios consistían en la fusión de esencias o fluidos de forma permanente e indisoluble. Charles Darwin, entre otros, fue un firme defensor de la herencia mezclada. La otra idea principal del mendelismo establece que la forma en la que se hereda un rasgo es completamente independiente de la forma en la que se hereda cualquier otro rasgo. Dicho de otra manera, y considerando el material usado por Mendel, la forma del guisante no afecta de ninguna manera a su color (**Figura S2**). Esto se corresponde con la Segunda Ley de Mendel o Ley de la Independencia de los Caracteres.

FIGURA S1. Demostración de la Ley de Segregación de los Alelos mediante un cruzamiento monohíbrido para el rasgo tamaño del tallo y posterior cruzamiento entre híbridos de primera generación. En negrita, los genotipos de cada individuo. En círculo rayado, gametos formados por cada individuo. Notas: (P) generación parental, (F1) primera generación filial y (F2) segunda generación filial.



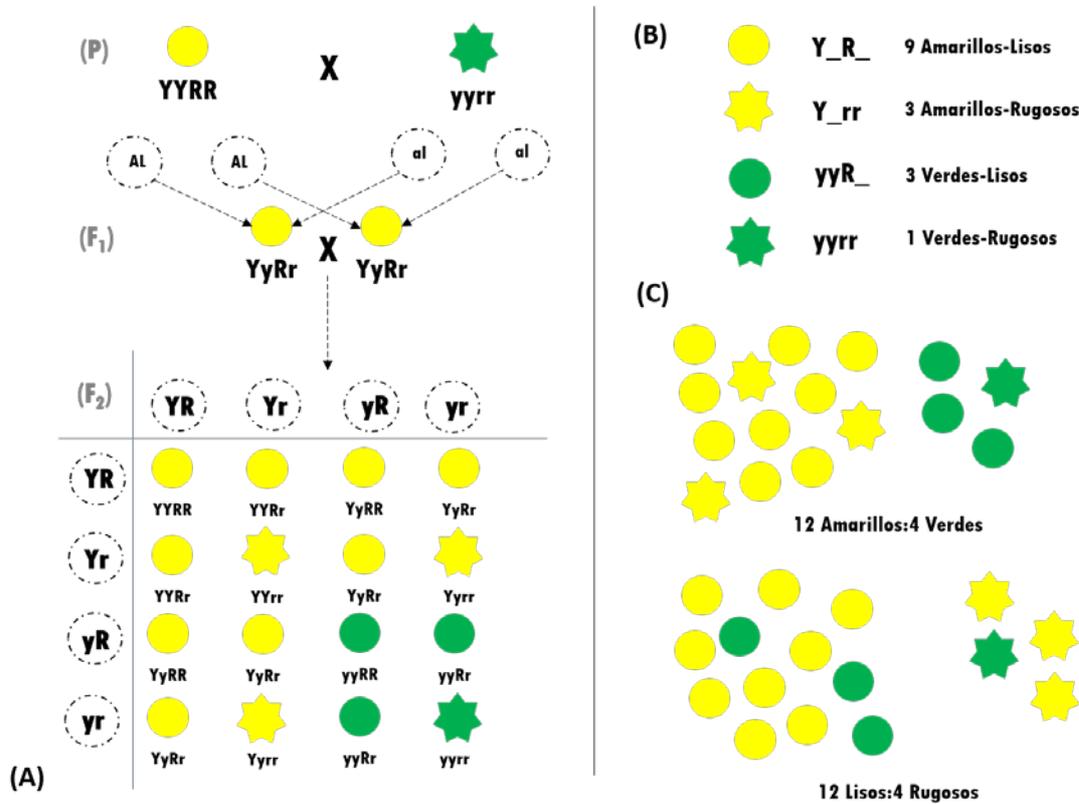
Fuente: elaboración propia

6.2. Excepciones o extensiones del mendelismo

El redescubrimiento de las Leyes de Mendel a principios del siglo XX coincidió con un auge en estudios relacionados con la Genética. Gran parte de ellos contribuyeron a confirmar las observaciones del monje agustino. Sin embargo, otras muchas investigaciones comenzaron a sacar a la luz numerosos casos que revelaban la complejidad de los patrones hereditarios existentes en la naturaleza y que representaban desviaciones a los postulados mendelianos (Spillman, 1902). Comienza, entonces, el desarrollo y estudio de lo que llamamos excepciones o extensiones del mendelismo (Hern & Bidichandani, 2004).

El primer grupo de excepciones lo representan los rasgos que están determinados por varios genes que interactúan entre sí. Hablamos de interacción génica cuando alelos de dos o más genes están implicados en la expresión de un mismo rasgo o característica. En la inmensa mayoría de los casos de interacciones, las proporciones fenotípicas mendelianas se ven afectadas, sin embargo, es importante transmitir a los estudiantes que esto no afecta a los principios de segregación de los alelos y transmisión independiente de los caracteres, que se mantienen inalterados.

FIGURA S2. Demostración de la Ley de la Independencia de los Caracteres usando (A) Cruzamiento dihíbrido para los rasgos color y forma de la semilla y cruzamiento entre dihíbridos de primera generación. En negrita, los genotipos de cada individuo. En círculo rayado, gametos formados por cada individuo. Interpretación de las proporciones fenotípicas considerando (B) los dos rasgos a la vez y (C) los dos rasgos por separado, de arriba a abajo, color y forma de la semilla. Notas: (P) generación parental, (F1) primera generación filial y (F2) segunda generación filial.



Fuente: elaboración propia

Otra de las excepciones principales al mendelismo la constituye el ligamiento genético, es decir alelos que se localizan en un mismo cromosoma (Lobo y Shaw, 2008). Mendel estudió rasgos cuyos genes se encontraban en cromosomas separados, por lo que no reparó en este hecho. Sin embargo, cuando estudiamos la herencia de varios genes ligados, detectamos alteraciones en las proporciones mendelianas. Este hecho fue descrito por primera vez en guisante por Bateson, Saunders y Punnett (1905), quienes sugirieron que ciertos alelos se encontrarían asociados. Esto fue demostrado poco después en *Drosophila melanogaster* por Morgan (1916), quien corroboraría que los alelos son elementos con una posición física determinada en los cromosomas. Hoy sabemos que cuanto más próximos estén dos *loci*, menor será la probabilidad de que ocurra un entrecruzamiento entre ellos durante la meiosis y, por tanto, la probabilidad de que aparezcan unidos en la descendencia será mayor que la de aquéllos que se encuentren más alejados. Ésta es la base de los mapas de ligamiento.

Referencias

- Bateson, W., Saunder, E.R. Punnett, R.C. (1905). Experimental studies in the physiology of heredity. *Reports to the Evolution Committee of the Royal Society* 2, 1–55, 80–99.
- Batzli, J.M., Smith, A.R., Williams, P.H., McGee, S.A., Dosa, K., Pfammatter, J. (2014). Beyond Punnett squares: student word association and explanations of phenotypic variation through an integrative quantitative genetics unit investigating anthocyanin inheritance and expression in *Brassica rapa* Fast Plants, *CBE-Life Sciences Education*, 13, 410-424.
- Davis, L.C. (1993). Origin of the Punnett Square. *The American Biology Teacher*, 55, 209-212.
- Hern, L.M., Bidichandani S.I. (2004). What Mendel did not discover: exceptions in Mendelian genetics and their role in inherited human disease. *J Okla State Med Assoc.* 97(1), 12-7.
- Jamieson, A., Radick G. (2013) Putting Mendel in His Place: How Curriculum Reform in Genetics and Counterfactual History of Science Can Work Together. In: Kampourakis K. (eds) *The Philosophy of Biology. History, Philosophy and Theory of the Life Sciences*, vol 1. Springer, Dordrecht. DOI: 10.1007/978-94-007-6537-5_25
- Mendel, G. (1866). Versuche über Pflanzhybriden. *Verhandlungen des naturforschenden Vereines in Brünn* IV, 3-47. DOI: 10.5962/bhl.title.61004
- Morgan, T. H. (1916). *A critique of the theory of evolution*. Princeton University Press. DOI: 10.5962/bhl.title.1259
- Lobo, I., Shaw, K. (2008) Discovery and types of genetic linkage. *Nature Education*, 1(1), 139. SciencePrimer. Consultado en enero de 2021. (<https://scienceprimer.com/punnett-square-calculator>).
- Spillman, W.J. (1902). Exceptions to Mendel's Law. *Science*, 16(411), 794-796.
- Vaca Peñas, J.M. (2000). Un programa de ordenador para la enseñanza de la metodología científica y la genética. *Didáctica de las Ciencias Experimentales y Sociales*, 14, 117-125.

Material Suplementario

SELECCIÓN DE EJERCICIOS PARA REALIZAR CON LA CALCULADORA DE GENES

Problema 1. Si dos pares de alelos se transmiten independientemente, siendo A dominante sobre a y B sobre b , calcula la probabilidad de obtener:

- un gameto Ab a partir de un individuo $AaBb$,
- un cigoto $AABB$ a partir de un cruzamiento $AaBB \times AaBb$,
- un gameto Ab a partir de un individuo $AABb$,
- un cigoto $AABB$ a partir de un cruzamiento $aabb \times AABB$,
- un fenotipo AB a partir de un cruzamiento $AaBb \times AaBb$,
- un fenotipo AB a partir de un cruzamiento $AaBb \times AABB$, y
- un fenotipo aB a partir de un cruzamiento $AaBb \times AaBB$

Problema 2. Si un individuo es homocigoto para los alelos dominantes de tres genes que segregan independientemente ($AABBCC$), otro es homocigoto para los correspondientes alelos recesivos ($aabbcc$), y se cruzan entre sí:

- ¿Cuántos fenotipos y genotipos distintos aparecerán en la F_2 ?
- ¿En qué proporciones aparecerán individuos en la F_2 con los mismos fenotipos de cada progenitor?
- ¿Cuál es la proporción de individuos homocigóticos para dos cualesquiera de esos genes y heterocigóticos para el restante?
- ¿Cuál es la proporción de individuos de la F_2 homocigóticos $AABB$ y heterocigóticos u homocigóticos recesivos para el otro gen?
- ¿Cuál es la proporción de individuos de la F_2 homocigóticos AA y heterocigóticos para al menos uno de los otros dos?
- Entre los individuos de la F_2 con fenotipo AB , ¿qué proporción tendrá genotipo $AABB$?

(*) Versión para usar en sesiones de integración de conceptos:

Problema 2. Si un individuo es homocigoto para los alelos dominantes de tres genes que segregan independientemente ($AABBCC$), otro es homocigoto para los correspondientes alelos recesivos ($aabbcc$), y se cruzan entre sí:

- ¿Cuántos fenotipos y genotipos distintos aparecerán en la F_2 ?
- ¿Cómo se verán alterados los fenotipos de la F_2 cuando intervienen los distintos tipos de interacción génica? ¿Y si los genes A y B se encuentran ligados a 15cM de distancia?

Problema 3. En la serpiente del maíz, la coloración de la piel está controlada por dos genes con dos alelos cada uno de ellos con dominancia completa (A , a y B , b). Cada gen a través de las enzimas codificadas por él, controla la síntesis de un pigmento distinto en rutas metabólicas separadas. Uno de esos dos genes produce un pigmento naranja (A _ presencia de pigmento naranja y aa ausencia del mismo) y el otro gen produce un pigmento negro (B _ presencia de pigmento y bb ausencia de pigmento negro). Esos dos genes se transmiten independientemente.

- ¿Qué tipo interacción mantienen esos dos genes?
- Una serpiente de tipo silvestre (con los dos pigmentos) se cruza con una albina (sin pigmentos) y la F_1 es toda de color silvestre. ¿Qué composición fenotípica tendrá la F_2 ?
- Si se cruzan al azar los individuos naranjas con los negros de la F_2 ¿qué composición fenotípica tendrá la descendencia resultante de dicho cruce?

Problema 4. En cierta especie vegetal, la coloración del fruto se debe a la interacción de dos genes con dos alelos cada uno, con dominancia completa (A , a y B , b) y transmisión independiente en ambos casos. Los genes muestran un efecto aditivo, de tal forma que existen tres tipos de fruto en función de la cantidad de pigmento que presentan: rojo intenso ($A_B_$), rosado (A_bb o $aaB_$) y blanco ($aabb$).

- ¿Qué tipo interacción mantienen esos dos genes?
- Una planta de frutos rojos se cruza con otra de frutos blancos y la F_1 es toda de plantas con frutos rojos. ¿Qué composición fenotípica tendrá la F_2 ?

Problema 5. El alelo dominante (B) de un gen determina el color blanco del fruto de la calabaza y el alelo recesivo (b) el fruto con color. El fruto amarillo está regido por el alelo dominante (V) de un gen hipostático de distribución independiente y el fruto verde por su alelo recesivo (v). Cuando se cruzan plantas dihíbridas la descendencia aparece en una proporción de 12 blancas : 3 amarillas : 1 verde.

- ¿Qué tipo de epistasis mantienen esos dos genes?
- ¿Qué proporción de color de fruto se espera en los cruces $Bbvv \times Bbvv$ y $Bbvv \times bbVv$?

Problema 6. El apareamiento entre ratas de genotipo idéntico produjo la siguiente descendencia: 14 color crema: 47 color negro: 19 albinas.

- a) ¿A qué proporción se aproxima la descendencia?
- b) ¿A qué tipo de epistasia se debe?
- c) ¿Cuáles son los genotipos de los progenitores y de los descendientes?

Problema 7. Dos plantas de guisantes con flores blancas se cruzaron entre sí dando una F_1 de flores púrpura. Un cruzamiento al azar entre dos plantas de la F_1 produjo una descendencia de 96 plantas, de las cuales 53 eran púrpura y 43 blancas.

- a) ¿Qué razón fenotípica se espera aproximadamente en la F_2 ?
- b) ¿Cuáles fueron los genotipos probables de los padres?

Problema 8. En *Drosophila*, el color morado de los ojos se debe al alelo recesivo de un gen (*pd*). El alelo recesivo (*s*) de otro gen no ligado, suprime el fenotipo mutante “ojos de color morado” (*pdpd*). De esta forma un individuo de genotipo *pdpdss* tiene ojos rojos (fenotipo silvestre en *Drosophila* en cuanto al color de ojos se refiere).

- a) ¿Qué interacción génica mantienen esos dos genes?
- b) Si se cruza una mosca de ojos morados y no portadora del alelo supresor con una mosca homocigótica de ojos rojos y homocigótica para el supresor, ¿qué composición fenotípica tendrá la descendencia?
- c) ¿Qué genotipos tendrán dos moscas cuya descendencia es 13 rojos: 3 morados?

Problema 9. Supongamos que el alelo recesivo *a* induce la formación de flores blancas (las normales son rojas) y el alelo recesivo *b* origina hojas rugosas (las normales son lisas) en una especie de planta ornamental. Considerando de estos genes están situados en un mismo cromosoma a una distancia de 30 centi-Morgans (cM), si cruzamos individuos AABB con otros aabb.

- a) ¿Qué genotipos y fenotipos aparecerían en la F_1 ?
- b) ¿Qué frecuencias tendrían esos fenotipos y genotipos?
- c) ¿Qué tipos de gametos producirán las hembras de la F_1 ?
- d) ¿Cuáles serán sus frecuencias relativas?
- e) Si cruzásemos plantas femeninas de la F_1 con plantas masculinas aabb, ¿cuáles serían las frecuencias de los fenotipos resultantes?

Problema 10. Del cruce de un individuo dihíbrido en fase de repulsión (*Ab/aB*) con un doble homocigoto recesivo (*ab/ab*), se obtienen 1000 descendientes con los siguientes fenotipos y números: 408 *Ab*, 392 *aB*, 106 *AB* y 94 *ab*.

- a) ¿Están ligados estos genes?
- b) En caso afirmativo, ¿a qué distancia genética se encuentran?

Problemas de producción propia o extraídos y modificados de: Universidad de Granada, Universidad de Oviedo y Sociedad Española de Genética.

CÓMO CITAR ESTE ARTÍCULO

Gálvez Salido, A. y Navajas-Pérez, R. (2022). Una Calculadora de Genes para enseñar mendelismo, interacciones génicas y ligamiento. *Didáctica de las ciencias experimentales y sociales*, 42, 99-118. DOI: 10.7203/DCES.42.21008