

## **Preguntas**

1. ¿Cuál de estos factores puede hacer cambiar las frecuencias genéticas de una población?
  - a) la introducción de individuos de otra población vecina
  - b) que todos los matrimonios sean entre parientes próximos
  - c) la aparición de una nueva variante en la población
  - d) la reducción drástica del número de personas de una población
  - e) todas las anteriores
  
2. Las frecuencias genotípicas de una población se pueden calcular
  - a) siempre que se utilicen las fórmulas correctas del teorema de Hardy-Weinberg
  - b) cuando no actúen ni la selección, ni la mutación, ni la deriva, ni la migración
  - c) las dos respuestas anteriores son correctas
  - d) nunca se pueden calcular
  - e) ninguna de las respuestas es correcta
  
3. Si las frecuencias genotípicas esperadas de una población (calculadas mediante las fórmulas del equilibrio Hardy-Weinberg) no coinciden con las frecuencias observadas
  - a) puede haber actuado algún motor de cambio, como por ejemplo la selección
  - b) pueden haberse genotipado erróneamente algunas de las muestras analizadas
  - c) las dos respuestas anteriores son correctas
  - d) el teorema de Hardy-Weinberg es erróneo
  - e) todas las anteriores

## **Respuestas**

1. Respuesta: e)

La respuesta a) sería equivalente a la migración; la b) a los apareamientos no aleatorios en la población; la c) sería equivalente a la mutación; la d) provocaría el efecto de la deriva. Por lo tanto, todos los factores expuestos podrían cambiar las frecuencias genéticas de la población.

2. Respuesta: b)

Únicamente se pueden calcular las frecuencias genotípicas cuando no actúan los factores de cambio. Por lo tanto, la respuesta a) no es correcta porque no explicita si se cumple la anterior premisa; y la respuesta d) tampoco es correcta porque es posible calcular las frecuencias genotípicas si se dan las circunstancias adecuadas.

3. Respuesta: c)

Si las frecuencias esperadas y observadas no coinciden puede ser por motivos biológicos (está actuando la mutación, la selección, la migración o la deriva) o por errores de diseño (por ejemplo, errores el genotipado).

## Ejercicios

### Problema 1:

Se ha analizado un polimorfismo en un locus donde se encuentran dos posibles alelos, A1 y A2, cuya frecuencia en la población 1 es del 80% y 20% respectivamente.

Suponiendo que no actúa ningún factor que altere el equilibrio poblacional,

- Calcule el porcentaje de individuos heterocigotos (individuos A1A2) en la población.
- En una población vecina (población 2) se ha calculado la heterocigosidad para este polimorfismo y se ha obtenido un valor de 0,20. ¿Cual de las dos poblaciones presenta una mayor diversidad genética?

### Respuesta

- Cálculo de los individuos heterocigotos según Hardy-Weinberg =  $2pq$

Población 1:  $2pq = 2 * 0,8 * 0,2 = 0,32$

El 32% de la población 1 es heterocigota (A1A2)

- Heterocigosidad Población 1 = 0,32 y Población 2 = 0,20, por lo tanto, la diversidad genética de la población 1 es mayor que la de la población 2, debido a que la heterocigosidad es una medida de la diversidad genética de una población.

### Problema 2:

Se ha realizado el genotipado de un polimorfismo en una muestra de una población con los siguientes resultados: 90 individuos B1B1, 10 individuos B1B2, 150 individuos B2B2. Se sospecha que uno de los reactivos utilizado en la genotipación estaba en mal estado y que esto puede haber producido algún problema en los resultados.

Suponiendo que la población analizada está en equilibrio, compruebe si ha habido algún error en el genotipado.

### Respuesta

Si ha habido algún error y la población realmente está en equilibrio podemos intentar estimar los genotipos esperados para poder compararlos con los genotipos observados y ver si hay diferencias.

Primero calcularemos las frecuencias alélicas B1 y B2, simplemente contando los alelos.

Para calcular B1, procederemos a contar los alelos B1

Individuos B1B1 = 90 individuos \* 2 alelos B1 = 180 alelos B1

Individuos B1B2 = 10 individuos \* 1 alelo B1 = 10 alelos B1

Individuos B2B2 = 150 individuos \* 0 alelos B1 = 0 alelos B1

Total alelos B1 = 180+10+0= 190 alelos B1 en la muestra de 250 individuos

El porcentaje de alelos B1 respecto al total de alelos (250 individuos \* 2 alelos por individuo = 500 alelos en la población) es de 190 alelos B1/500 alelos totales = 0,38, es decir, un 38% de todos los alelos en la población son B1.

De la misma manera procederemos a calcular la frecuencia de B2 en la muestra

Para calcular B2, procederemos a contar los alelos B2

Individuos B1B1 = 90 individuos \* 0 alelos B2 = 0 alelos B2

Individuos B1B2 = 10 individuos \* 1 alelo B2 = 10 alelos B2

Individuos B2B2 = 150 individuos \* 2 alelos B2 = 300 alelos B2

Total alelos B2 = 0+10+300= 310 alelos B2 en la muestra de 250 individuos

El porcentaje de alelos B2 respecto al total de alelos (250 individuos \* 2 alelos por individuo = 500 alelos en la población) es de 310 alelos B2/500 alelos totales = 0,62, es decir, un 62% de todos los alelos en la población son B2.

Una vez calculadas las frecuencias alélicas, B1=0,38 y B2=0,62, y suponiendo que la población analizada está en equilibrio, podemos aplicar el teorema de Hardy-Weinberg para calcular las frecuencias genotípicas esperadas, es decir, cuántos individuos B1B1, B1B2 y B2B2 esperaríamos si no estuviera actuando ningún factor biológico o si no hubiera errores de genotipado.

Aplicando las fórmulas del teorema podemos estimar que el número de genotipos esperados sería el siguiente:

$B1B1 = p^2 = 0,38^2 = 0,1444$  multiplicado por el número de individuos (250) = 36,1 individuos

$B1B2 = 2pq = 2*0,38*0,62 = 0,4712$  multiplicado por el número de individuos (250) = 117,8 individuos

$B2B2 = q^2 = 0,62^2 = 0,3844$  multiplicado por el número de individuos (250) = 96,1 individuos