



Panorama krzyżówek

Igor Kłykociński

Skarbnik, Koło Naukowe Biologii Molekularnej UW

Na początku przypomnijmy sobie razem podstawowe terminy:

Locus (lm. loci) – miejsce na chromosomie zajmowane przez dany gen

Allel – alternatywna forma danego genu, allele danej pary zajmują to samo locus na chromosomach homologicznych

Genotyp – zespół genów danego organizmu

Fenotyp – zespół cech ujawniających się u danego organizmu, wynikający z genotypu oraz wpływu środowiska

Homozygota – organizm posiadający dwa identyczne allele w danym locus

Heterozygota – organizm posiadający dwa różne allele w danym locus

Allel dominujący – fenotyp przez niego kodowany ujawnia się u heterozygoty

Allel recesywny – fenotyp przez niego kodowany nie ujawni się u heterozygoty

Genetyka jako gałąź nauki powstała dzięki doświadczeniom Grzegorza Mendla. Wybrał on do badań groch zwyczajny (*Pisum sativum*). Następnie rozmnażał rośliny, by sprawdzić, czy dana cecha utrzymuje się w kolejnych pokoleniach. Po upewnieniu się, że wybrane w ten sposób rośliny należą do czystych linii, przystąpił do właściwego eksperymentu. Mendel wybrał rośliny o cechach (fenotypach), łatwych do odróżnienia, czyli np. barwa kwiatu (purpurowa lub biała), kolor nasion (żółty lub zielony), wysokość pędu (wysoki lub niski). W poniższym przykładzie omówimy wariant dotyczący wysokości pędu.

Pokolenie P (Parentes) – organizmy rodzicielskie należące do czystych linii

Pokolenie F1 (Fili 1) – organizmy powstałe ze skrzyżowania organizmów z pokolenia P

Pokolenie F2 (Fili 2) – organizmy powstałe ze skrzyżowania organizmów z pokolenia F1

T – allel dominujący

t – allel recesywny

P: TT x tt

F1: Tt

F2: TT Tt Tt tt

♀ lub ♂	T	T
T	TT (wysoki)	Tt (wysoki)
t	Tt (wysoki)	tt (niski)

Z przeprowadzonego doświadczenia wynika, że organizmy (F1) powstałe ze skrzyżowania homozygoty dominującej i recesywnej (P), będą zawsze heterozygotami, a ich fenotyp będzie tożsamy z fenotypem homozygoty dominującej. Natomiast organizmy (F2), które otrzymano krzyżując ze sobą organizmy z pokolenia F1, będą miały genotypy: TT, Tt, tt (1:2:1), a fenotypy wysoki i niski (3:1). By w prosty sposób przewidzieć genotypy i fenotypy organizmów potomnych można wykonać krzyżówkę genetyczną w formie szachownicy Punnetta (w tym przykładzie wykonaliśmy ją dla heterozygot z pokolenia F1). Oprócz omówionej powyżej krzyżówki jednogenowej można wykonać również krzyżówkę dwugenową, polegającą na zbadaniu wzajemnego dziedziczenia genów z różnych loci. Przykładem takiego doświadczenia będzie skrzyżowanie grochu o fenotypach nasion żółtych lub zielonych (allele A i a) oraz nasion gładkich lub pomarszczonych (allele B i b). Otrzymane pokolenie F1 (AaBb), będzie w 100% składało się z heterozygot dominujących pod względem obydwu cech. Produkować zaś będzie gamety AB, Ab, aB, ab. Pokolenie następne, czyli F2, będzie złożone z organizmów o 9 różnych genotypach, dającymi 4 fenotypy nasion: żółte gładkie, żółte pomarszczone, zielone gładkie, zielone pomarszczone (9:3:3:1).

♀ lub ♂	AB	Ab	aB	ab
AB	AABB (żg)	AABb (żg)	AaBB (żg)	AaBb (żg)
Ab	AABb (żg)	AAbb (żp)	AaBb (żg)	Aabb (żp)
aB	AaBB (żg)	AaBb (żg)	aaBB (zg)	aaBb (zg)
ab	AaBb (żg)	Aabb (żp)	aaBb (zg)	aabb (zp)

Na podstawie swoich doświadczeń Mendel sformułował dwa podstawowe prawa:

Prawo segregacji alleli (zwane również **prawem czystości gamet**), według którego w czasie mejozy allele z każdego locus rozdzielają się, wchodząc do różnych gamet. Innymi słowy, w jednej gamecie może się znaleźć tylko jeden allel z danej pary.

Prawo niezależnej segregacji cech (inaczej **prawo niezależnego dziedziczenia**), w myśl którego allele należące do danej pary genów segregują się (dziedziczą), w sposób niezależny od alleli należących do innej pary. To prawo nie jest spełnione dla genów sprzężonych, czyli takich, których loci znajdują się w bliskiej odległości od siebie na tej samej parze chromosomów homologicznych. Sprzężenie genów można wykazać przy pomocy krzyżówki testowej dwugenowej, w której skojarzymy heterozygotę (AaBb) i homozygotę recesywną (aabb). Wówczas, jeśli geny są sprzężone, to w pokoleniu potomnym fenotypy takie same, jak u rodziców, będą się pojawiały z większą częstotliwością niż inne (w genach niesprzężonych proporcje fenotypów powinny być równe).

Organizmy o fenotypach, które pojawią się jako nowe (nie występują u rodziców), to rekombinanty. Sumując liczbę otrzymanych rekombinantów, a następnie dzieląc ją przez całkowitą liczbę potomstwa, można określić **częstość procesu crossing-over**.

Bibliografia:

- Biologia, Eldra Pearl Solomon, Linda R. Berg, Diana W. Martin (str. 193 – 215)
- Pea (*Pisum sativum* L.) in Biology prior and after Mendel's Discovery, Petr SMÝKAL