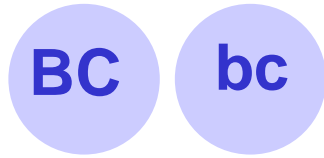


# MODIFICACIONES AL MODELO MENDELIANO

## LIGAMIENTO

*Clara Pritsch  
Curso de Genética  
Facultad de Agronomía  
2008*

**BBCC x bbcc**



**P**

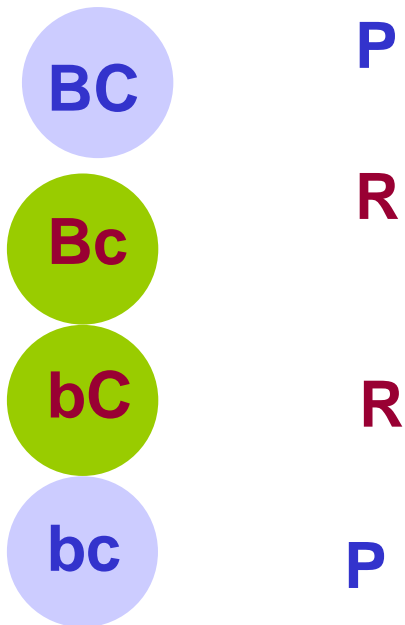
**F1**

**BbCc**

**BBCC x bbcc**



**F1 BbCc**



**Gametos parentales**  
**Gametos recombinantes**

# FORMACION DE GAMETOS DE UN DIHIBRIDO

## COMBINACIONES ALELICAS EN LOS GAMETOS

- ✓ PARENTALES
- ✓ RECOMBINANTES

# ORIGEN DE LA VARIABILIDAD GENETICA DE LA MEIOSIS

(CAUSAS DE APARICION DE GAMETOS CON COMBINACIONES

- PARENTALES
- RECOMBINANTES)

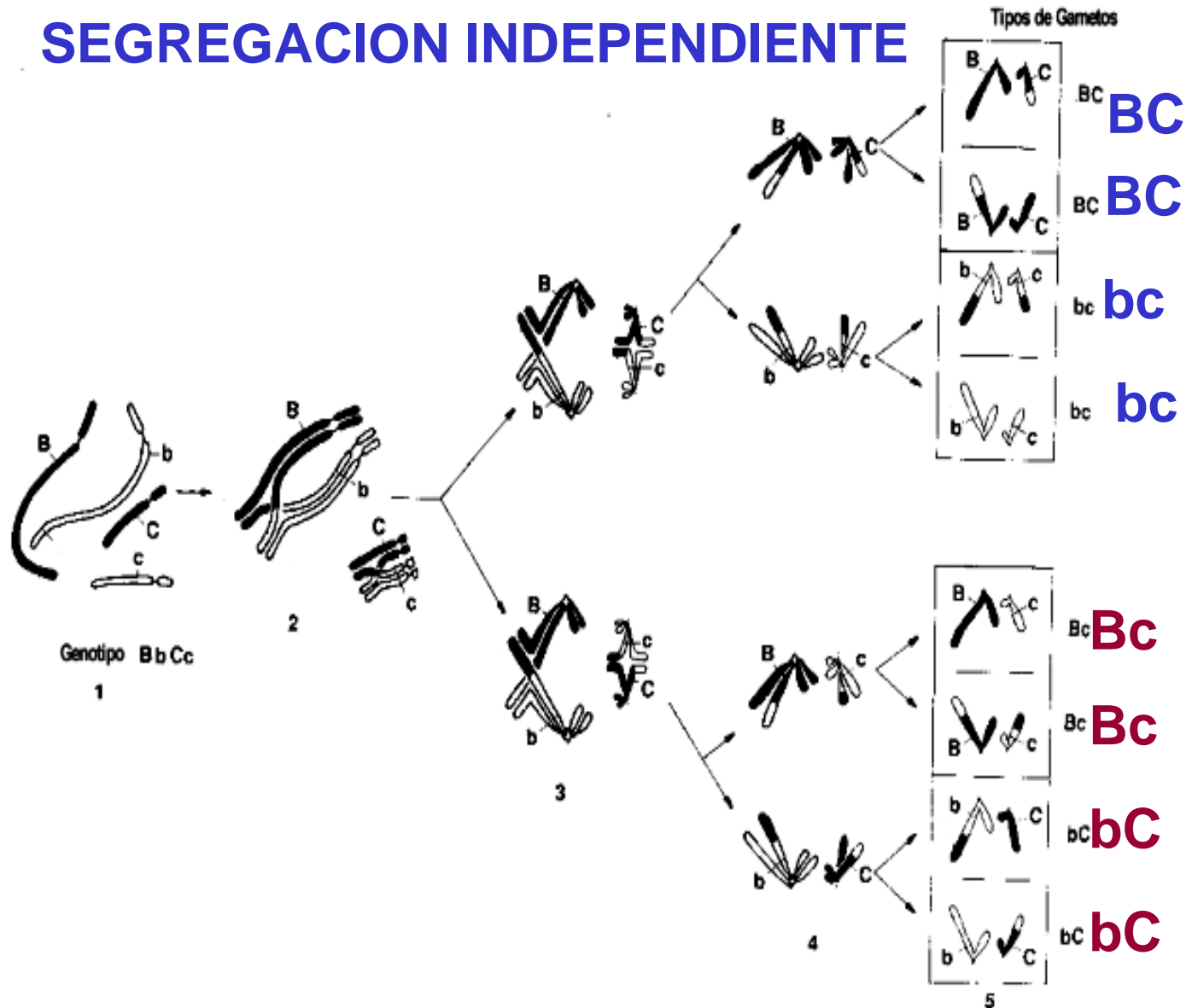
1- SEGREGACION INDEPENDIENTE

2- ENTRECruzAMIENTO

# ORIGEN DE LOS RECOMBINANTES

BBCC x bbcc

## SEGREGACION INDEPENDIENTE



BC bc

BbCc

BC

Bc

bC

bc

La **segregación independiente** de los cromosomas genera **gametos recombinantes** (nuevas combinaciones alélicas) de aquellos genes localizados en **diferentes cromosomas**.

Las proporciones de gametos **parentales** y **recombinantes** son equivalentes

# SEGUNDA LEY DE MENDEL

**BbCc**

**BC**

**Bc**

**bC**

**bc**

0.25

0.25

0.25

0.25

**9:3:3:1** (F2, dos genes, segregación independiente, dominancia completa)

**1:1:1:1** (cruzamiento prueba, dos genes, segregación independiente)

## Cruzamiento prueba:

Estrategia para estimar las frecuencias gaméticas

***PpLl x ppLl***

Cuadro de valores esperados (2ª Ley de Mendel)

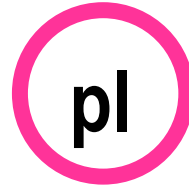
		<b>0.25</b>	<b>0.25</b>	<b>0.25</b>	<b>0.25</b>	
		<i>PL</i>	<i>Pl</i>	<i>pL</i>	<i>pl</i>	<b>gametos</b>
<b>1.00</b>	<i>pl</i>	<i>PpLl</i>	<i>Ppll</i>	<i>ppLl</i>	<i>ppll</i>	<b>genotipos</b>
		<i>P_L_</i>	<i>P_ll</i>	<i>ppL_</i>	<i>ppll</i>	<b>fenotipos</b>
		<b>0.25</b>	<b>0.25</b>	<b>0.25</b>	<b>0.25</b>	

No todos los resultados experimentales se ajustan al modelo Mendeliano.

La **localización** de los genes en los **cromosomas** es uno de los factores que generan desajuste.

**PPLL**

**ppll**



**PpLl**



parentales

recombinantes

## PROGENIE F2

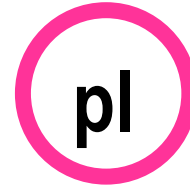
Fenotipo	N <sup>a</sup> de descendientes	
	Observados	Esperados (9:3:3:1)
Púrpura, alargado ( <i>P_</i> , <i>L_</i> )	4831	3911
Púrpura, redondo ( <i>P_</i> , <i>ll</i> )	390	1303
Rojo, alargado ( <i>pp</i> , <i>L_</i> )	393	1303
Rojo, redondo ( <i>pp</i> , <i>ll</i> )	1338	435

# PROGENIE CRUZAMIENTO PRUEBA

Fenotipo	N <sup>a</sup> de descendientes	
	Observados	Esperados (1:1:1:1)
Púrpura, alargado ( <i>P</i> _, <i>L</i> _)	38	25
Púrpura, redondo ( <i>P</i> _, <i>ll</i> )	12	25
Rojo, alargado ( <i>pp</i> , <i>L</i> _)	11	25
Rojo, alargado ( <i>pp</i> , <i>ll</i> )	39	25

PPLL

ppll



PpLl



parentales  
(0.77)

recombinantes  
(0.23)

## Interpretación de Morgan

- ✓ El **ligamiento** (asociación física) entre los alelos de estos genes explica la **abundancia** de combinaciones **parentales**
- ✓ El **entrecruzamiento** (ocasional) entre cromátidas no hermanas en la meiosis explica la **menor** presencia de las combinaciones **recombinantes**

**Genética-Citología**

# ORIGEN DE LA VARIABILIDAD GENETICA DE LA MEIOSIS

(CAUSAS DE APARICION DE GAMETOS CON COMBINACIONES

- PARENTALES
- RECOMBINANTES)

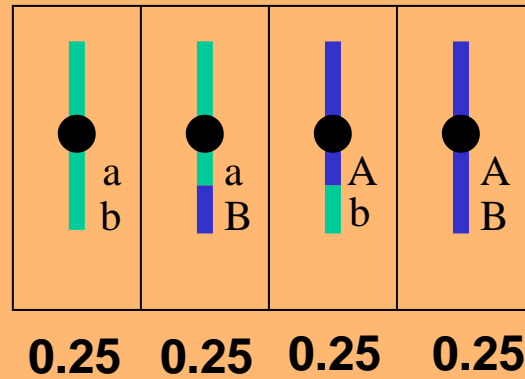
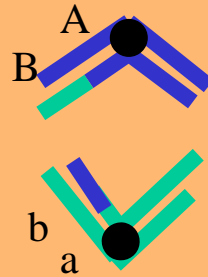
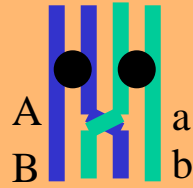
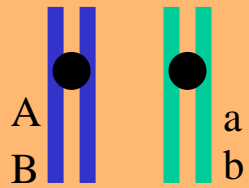
1- SEGREGACION INDEPENDIENTE

2- ENTRECruzAMIENTO

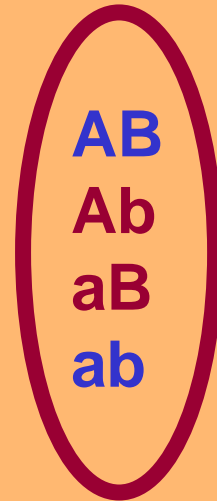
# ORIGEN DE LOS RECOMBINANTES

## ENTRECruzAMIENTO

AABB x aabb

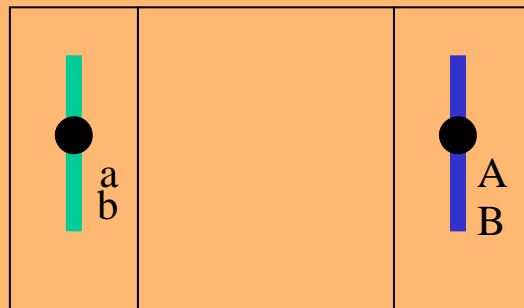
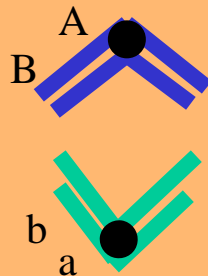
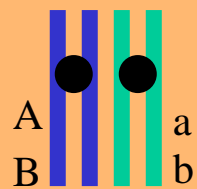
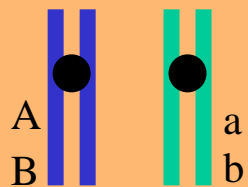


AaBb



# TIPOS DE GAMETOS

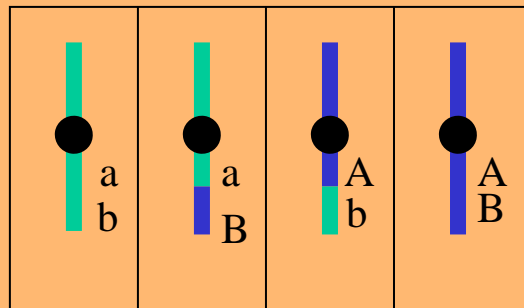
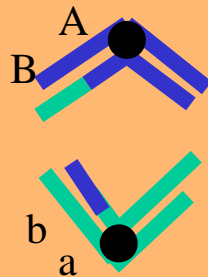
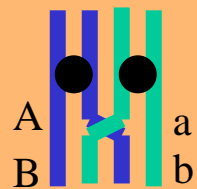
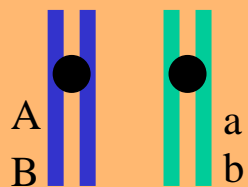
% DIV. MEIÓTICAS



0.5

0.5

100%



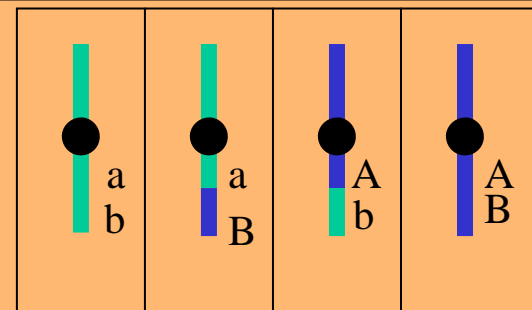
0.25

0.25

0.25

0.25

0%



0.50

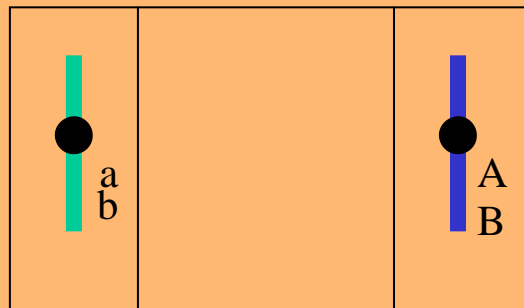
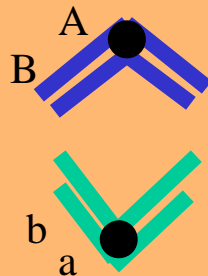
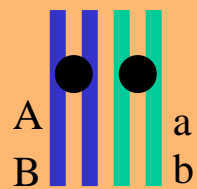
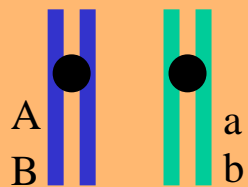
0.00

0.00

0.50

# TIPOS DE GAMETOS

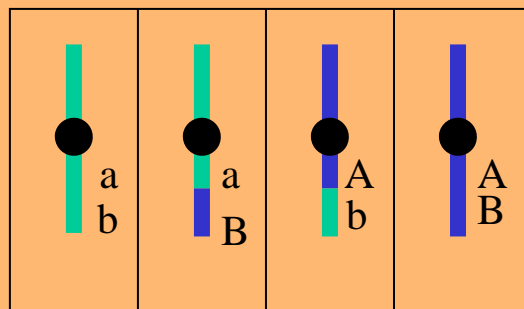
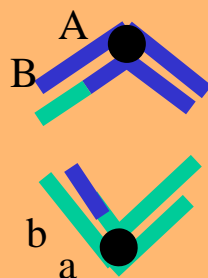
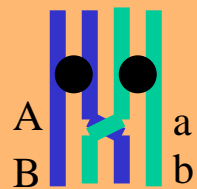
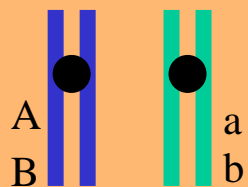
% DIV. MEIÓTICAS



0.5

0.5

20%



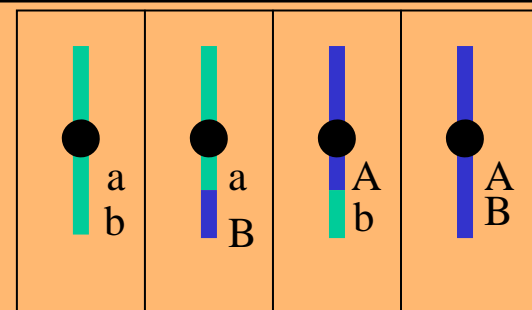
0.25

0.25

0.25

0.25

80%



0.30

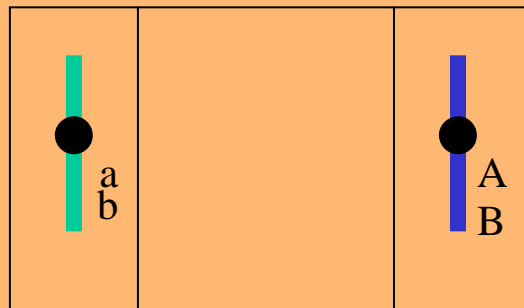
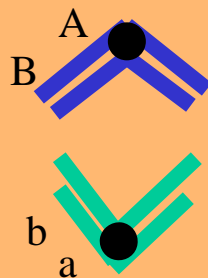
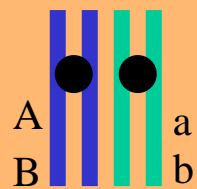
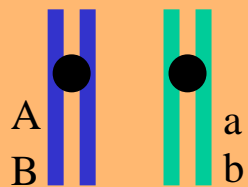
0.20

0.20

0.30

# TIPOS DE GAMETOS

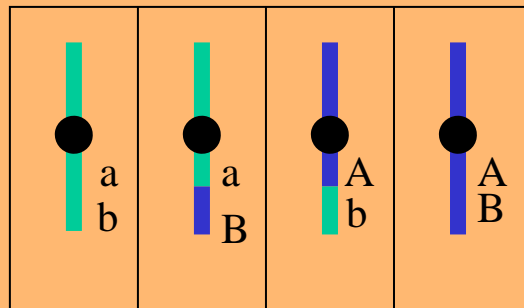
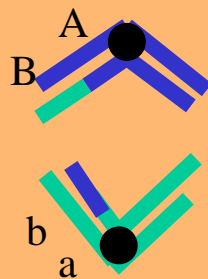
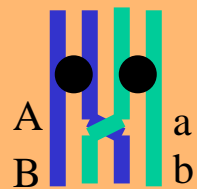
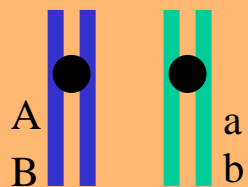
% DIV. MEIÓTICAS



0.5

0.5

0%



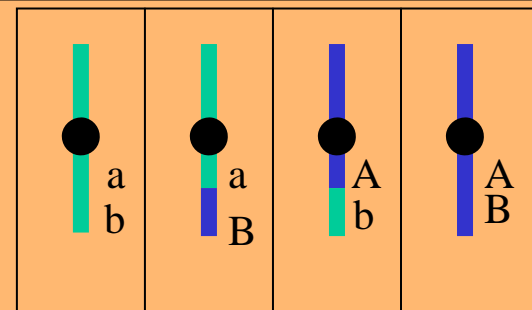
0.25

0.25

0.25

0.25

100%



0.25

0.25

0.25

0.25

✓ LIGAMIENTO

✓ REPULSION (TRANS)

✓ ACOPLAMIENTO (CIS)

✓ LIGAMIENTO INCOMPLETO Y COMPLETO

✓ % DE RECOMBINACION

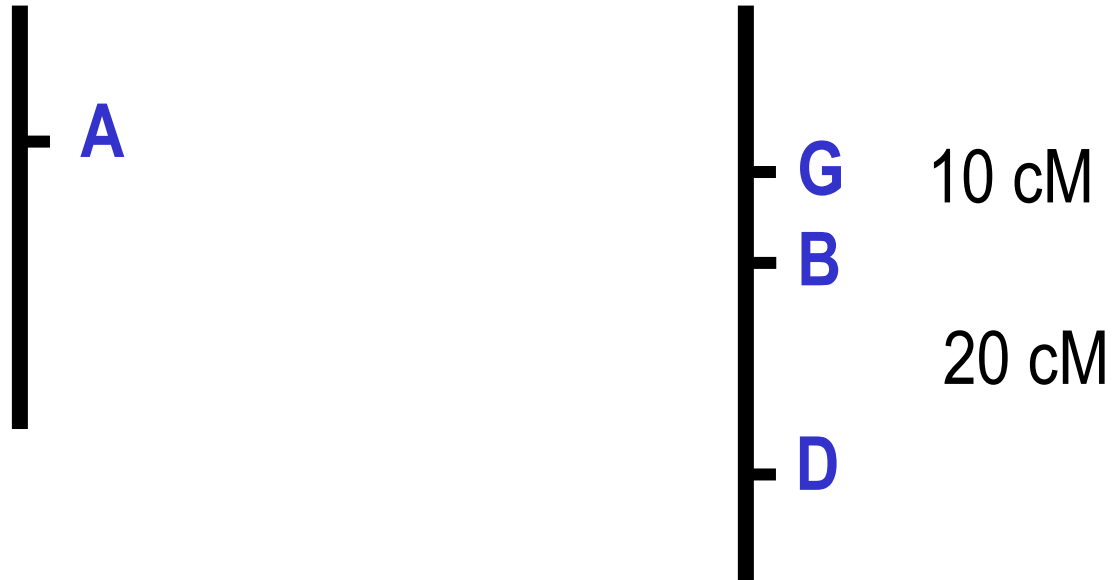
✓ GRUPO DE LIGAMIENTO

	% recombinación
Genes A y B	50
Genes A y D	50
Genes B y D	20
Genes D y G	30
Genes B y G	10

## Sturtevant

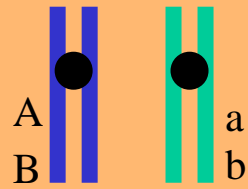
Los genes ligados se localizan linealmente en el cromosoma  
El % de recombinación nos indica el orden de los genes  
Innovación: mapa genético (probabilístico)

# MAPA DE LIGAMIENTO O GENETICO

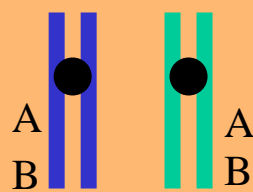
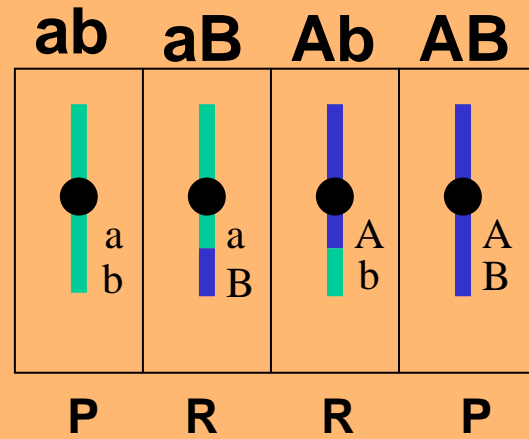
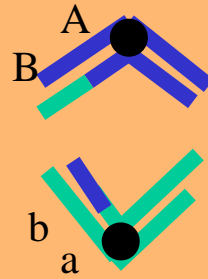
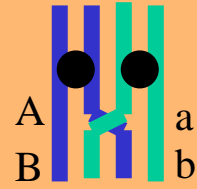


1 cM = 1 Unidad de mapa = 1% gametos recombinantes  
(total de gametos)

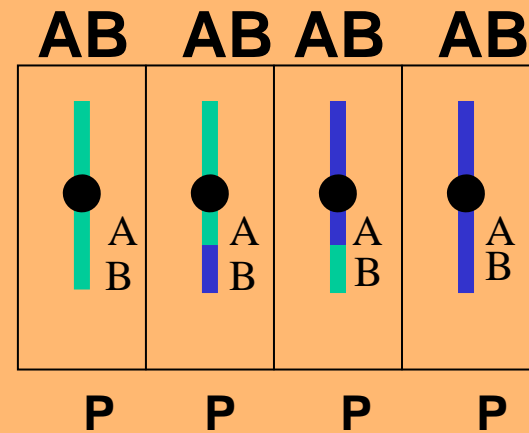
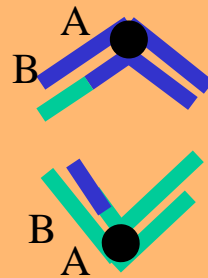
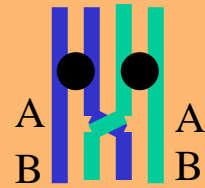
# polimorfismo



**AaBb**



**AABB**  
ausencia de  
polimorfismo



# Mapa genético con marcadores morfológicos

*Lycopersicon esculentum*

2n= 24

