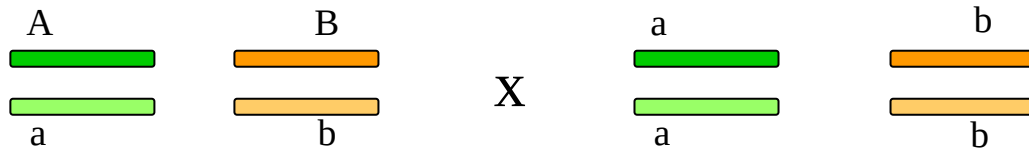


Genes A y B en cromosomas diferentes (2^{da} Ley de Mendel)



AB
Ab
aB
ab

ab

F1: AaBb (Parental) 1
Aabb (Recombinante) 1
aaBb (Recombinante) 1
aabb (Parental) 1

50% FENOTIPO
PARENTAL
50% FENOTIPO
RECOMBINANTE

Genes A y B en el mismo cromosoma (Ligamiento)

A B
a b

X

a b
a b

sin crossing-over

AB
ab

ab

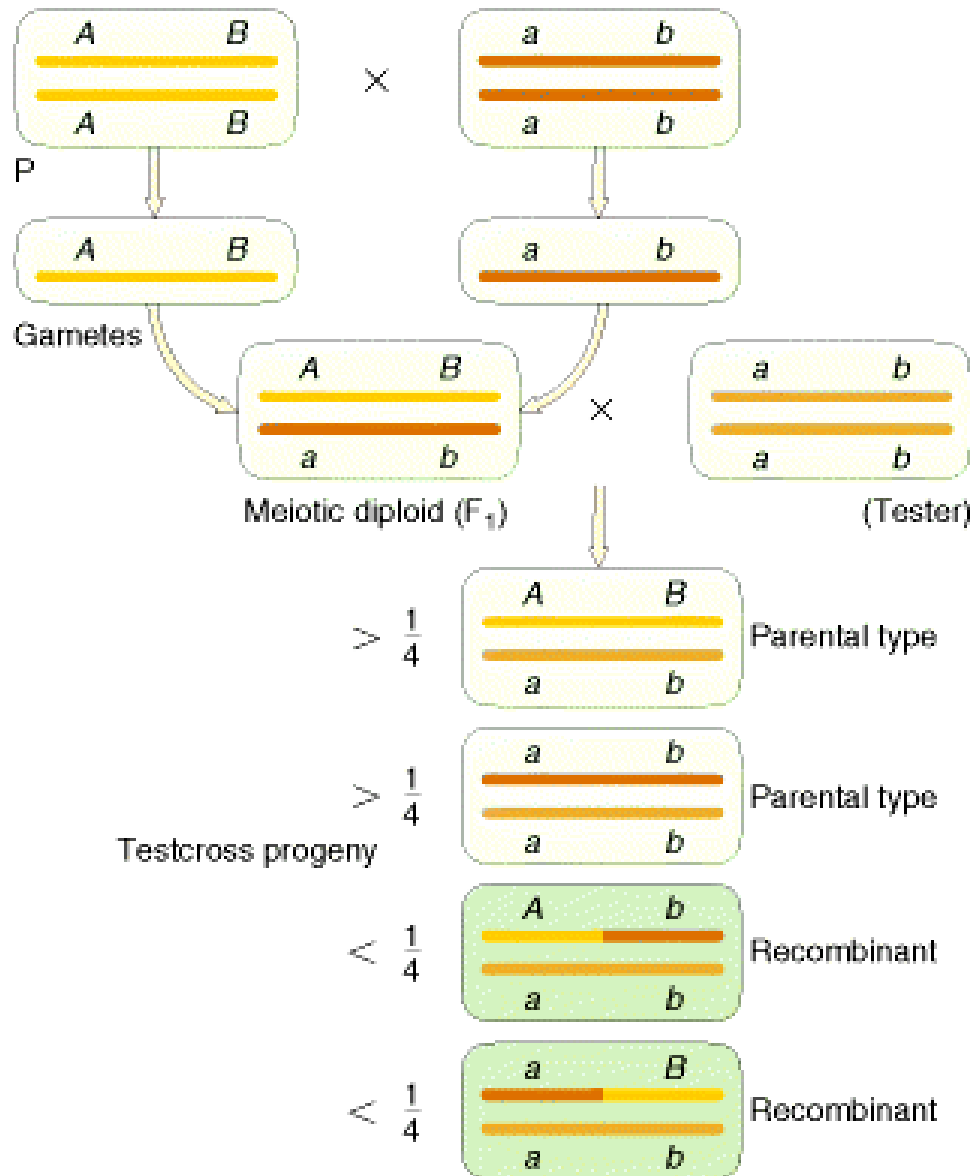
F1: AaBb (Parental) 1
aabb (Parental) 1

100% FENOTIPO
PARENTAL

GENES COMPLETAMENTE LIGADOS

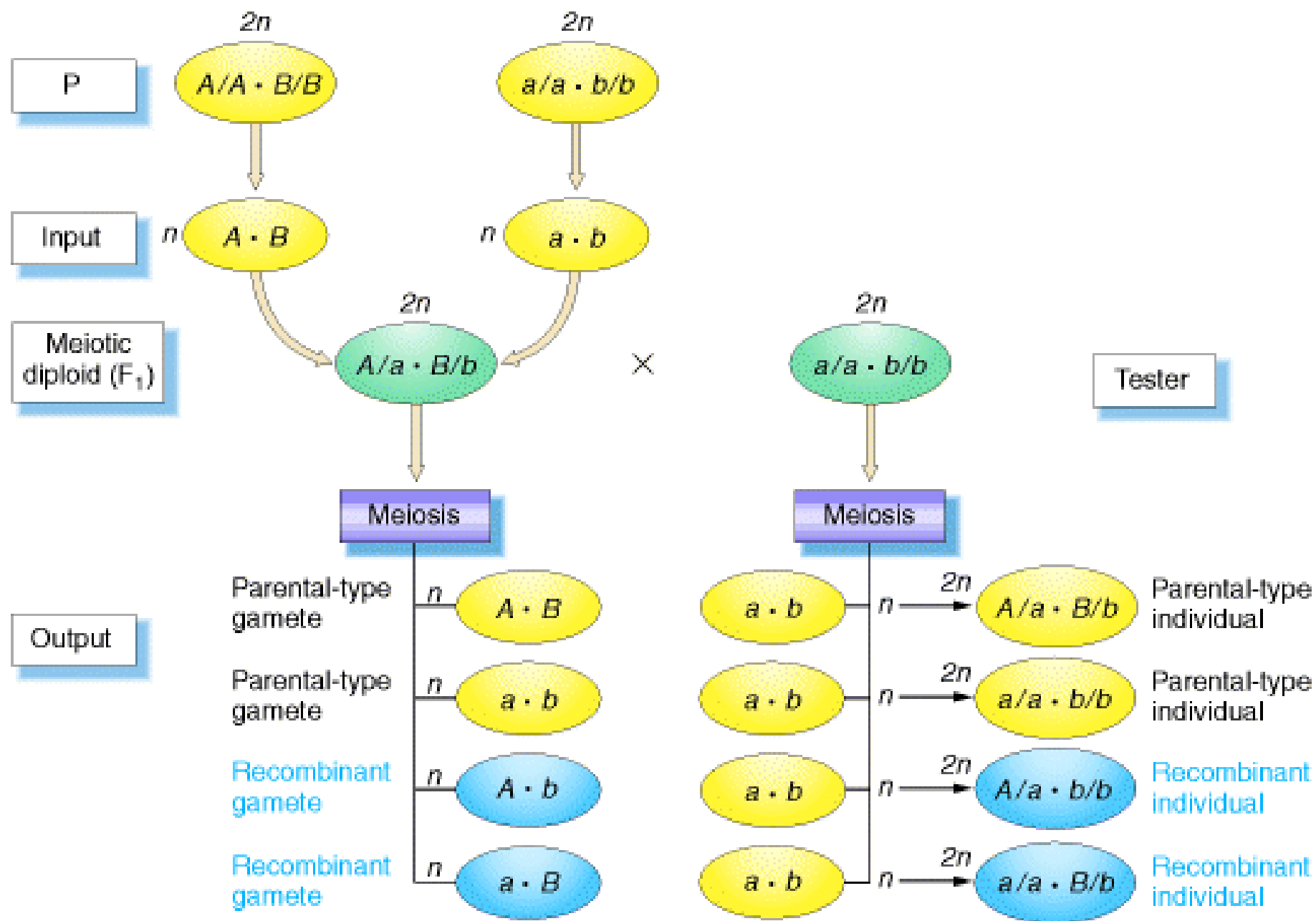
Genes A y B en el mismo cromosoma (Ligamiento)

con crossing-over

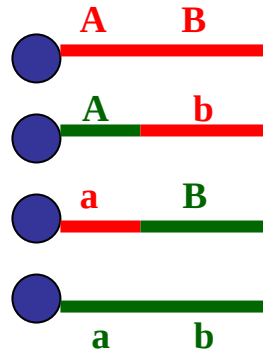
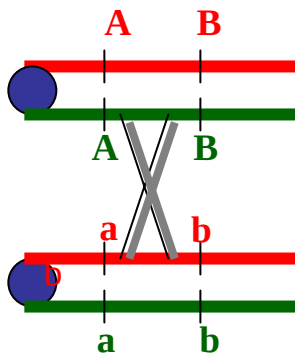


<50% FENOTIPO
PARENTAL
>50% FENOTIPO
RECOMBINANTE

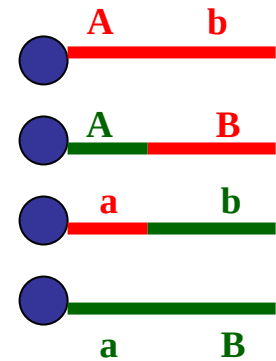
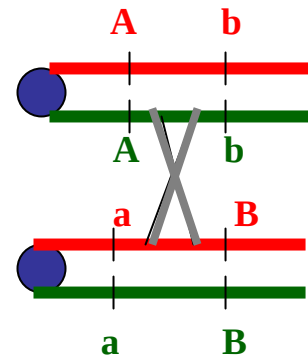
PARCIALMENTE LIGADOS



Generación de gametos recombinantes



Acoplamiento o Cis



Repulsión o Trans

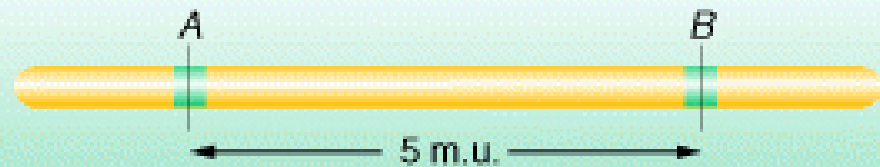
Grupos de Ligamiento: Cada uno corresponde a uno de los pares de cromosomas homólogos en el genoma de una especie
D.melanogaster tiene 4 grupos de ligamiento

Mapas de Ligamiento: Se pueden construir usando la frecuencia de recombinación de los genes, para ubicarlos en forma lineal a lo largo de los cromosomas. La probabilidad de que ocurra un crossing-over entre 2 loci es una función del largo del intervalo que separa ambos loci.

Sturtevant: La frecuencia de gametos recombinantes producidos entre 2 loci en un cromosoma puede ser usado como un índice de distancia entre ambos loci

Una unidad mapa o cM corresponde a la distancia que permite un 1% de progenie recombinante

Map based on *A-B* recombination



Map based on *A-C* recombination



Possible combined maps

