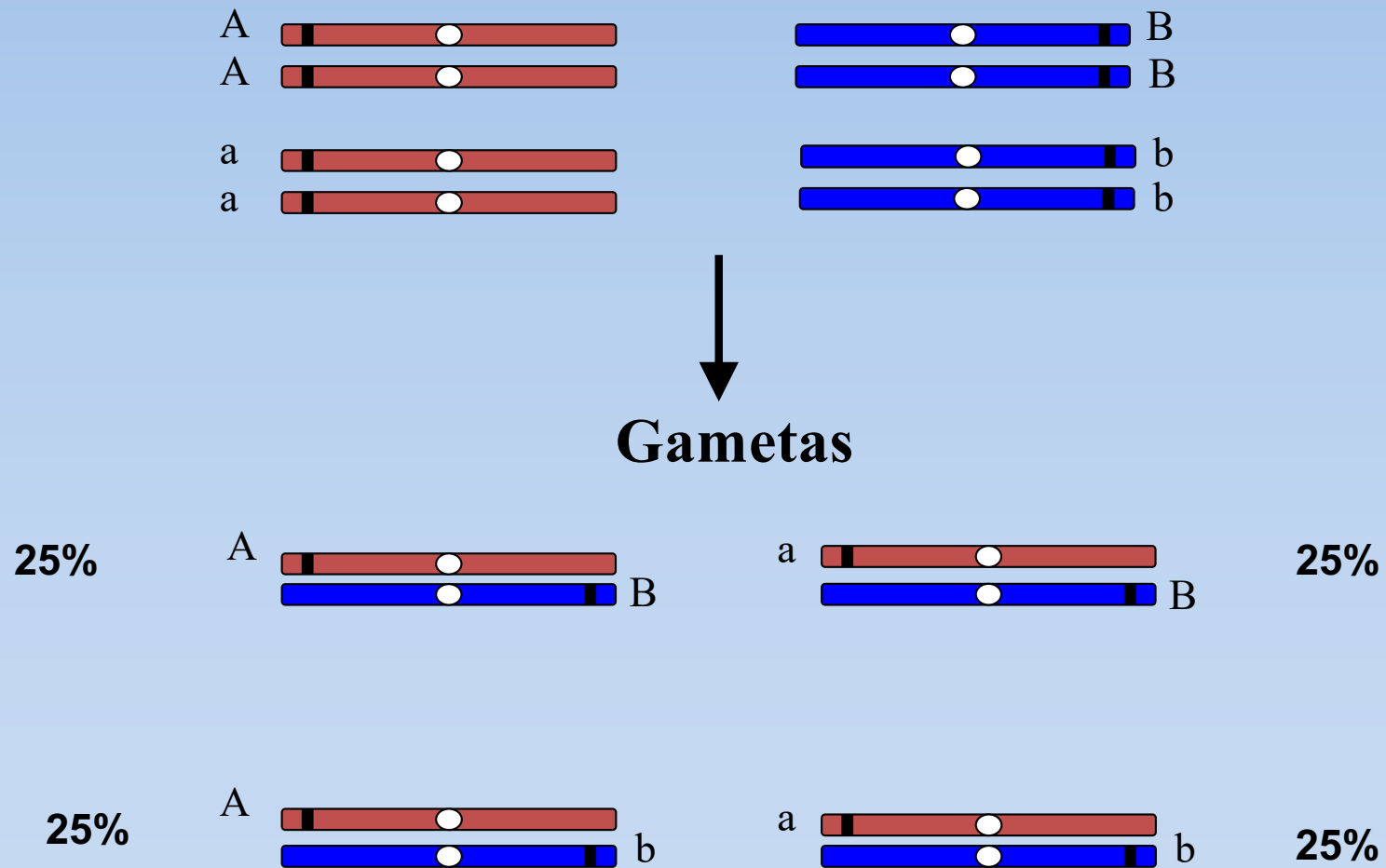


MAPEAMENTO GENÉTICO

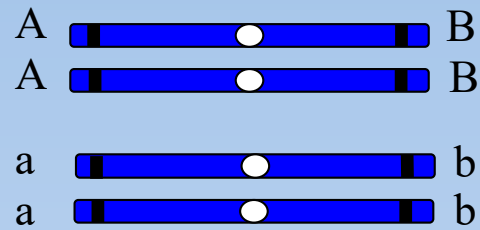
Segregação independente: 2a Lei de Mendel

Genes em diferentes cromossomos



Ligação

Dois genes no mesmo cromossomo segregam juntos



Gametas



50%



50%

LIGAÇÃO

GENES LIGADOS

Dois genes autossômicos:

GENE 1 -> cor do olho
pr roxo; **pr⁺** vermelho

GENE 2 -> comprimento da asa
vg vestigial; **vg⁺** normal

TIPO SELVAGEM DOMINANTE

LIGAÇÃO

GENES LIGADOS

P $pr/pr \cdot vg/vg$ x $pr^+/pr^+ \cdot vg^+/vg^+$

Gametas $pr \cdot vg$ $pr^+ \cdot vg^+$

F1 dihíbridos $pr^+/pr \cdot vg^+/vg$

LIGAÇÃO

GENES LIGADOS

Cruzamento
teste

$pr^+/pr \cdot vg^+/vg$ x $pr/pr \cdot vg/vg$

LIGAÇÃO

GENES LIGADOS

Cruzamento
teste

$pr^+/pr \cdot vg^+/vg$ x $pr/pr \cdot vg/vg$

Classes de
gametas

$pr^+ \cdot vg^+$

$pr \cdot vg$

$pr^+ \cdot vg$

$pr \cdot vg^+$

LIGAÇÃO

GENES LIGADOS

Cruzamento
teste

$pr^+/pr \cdot vg^+/vg$ x $pr/pr \cdot vg/vg$

Classes de
gametas

| | |
|-------------------|------|
| $pr^+ \cdot vg^+$ | 1339 |
| $pr \cdot vg$ | 1195 |
| $pr^+ \cdot vg$ | 151 |
| $pr \cdot vg^+$ | 154 |

LIGAÇÃO

GENES LIGADOS

Cruzamento teste

$pr^+/pr \cdot vg^+/vg$ x $pr/pr \cdot vg/vg$

Classes de gametas

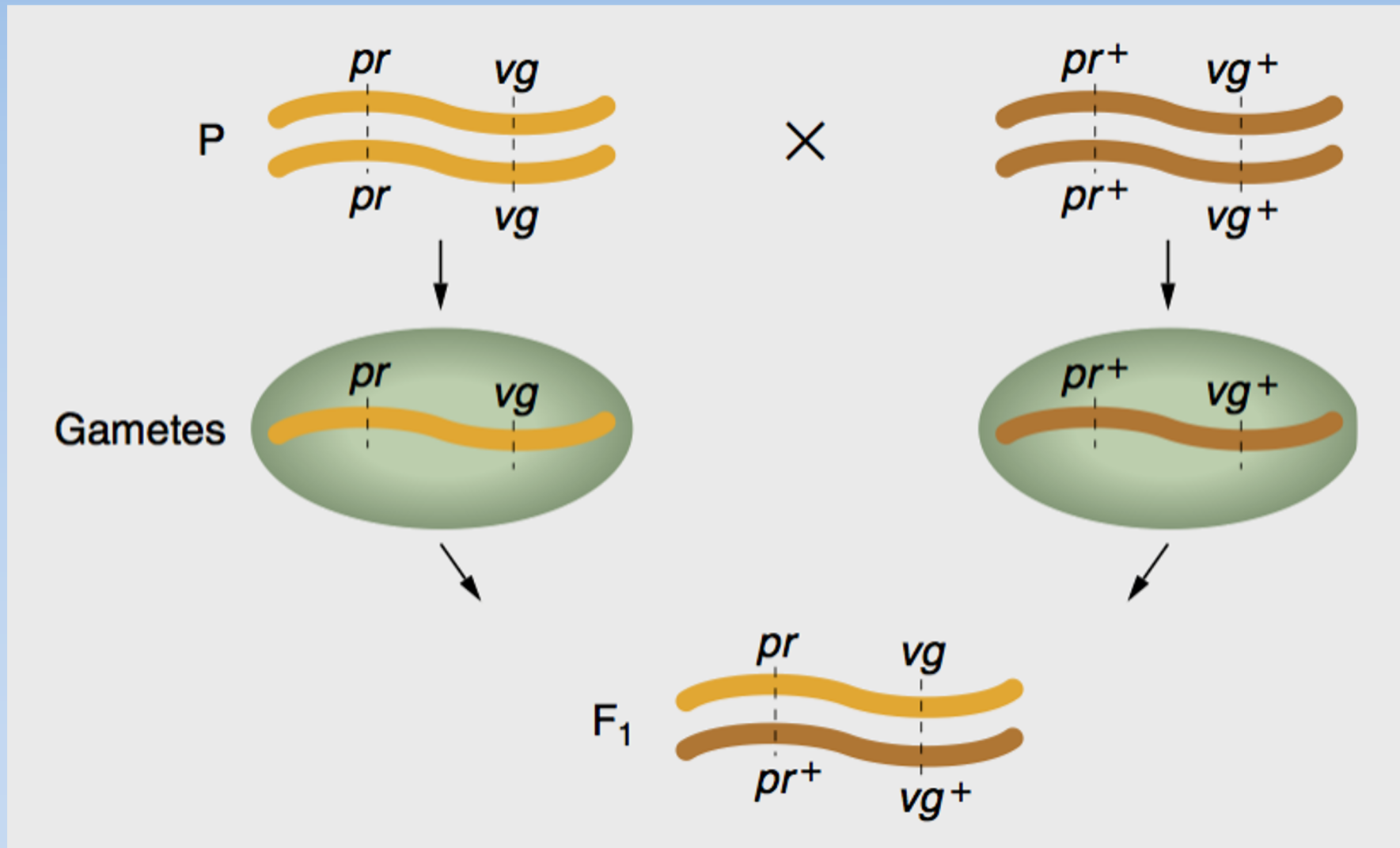
| | |
|-------------------|------|
| $pr^+ \cdot vg^+$ | 1339 |
| $pr \cdot vg$ | 1195 |
| $pr^+ \cdot vg$ | 151 |
| $pr \cdot vg^+$ | 154 |

Desvio drástico da razão 1:1:1:1

Seria possível explicar esse resultado?

LIGAÇÃO

GENES LIGADOS



LIGAÇÃO

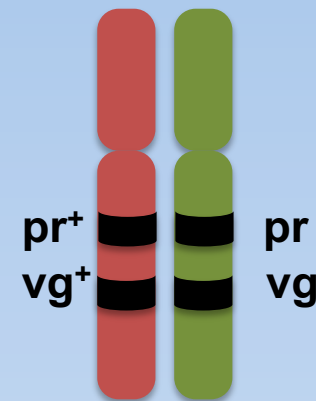
GENES LIGADOS

Cruzamento teste

$pr^+/pr \cdot vg^+/vg$ x $pr/pr \cdot vg/vg$

Classes de gametas

| | |
|-------------------|------|
| $pr^+ \cdot vg^+$ | 1339 |
| $pr \cdot vg$ | 1195 |
| $pr^+ \cdot vg$ | 151 |
| $pr \cdot vg^+$ | 154 |



LIGAÇÃO

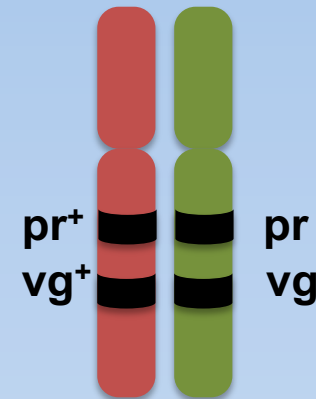
GENES LIGADOS

Cruzamento teste

$pr^+/pr \cdot vg^+/vg$ x $pr/pr \cdot vg/vg$

Classes de gametas

| | |
|-------------------|------|
| $pr^+ \cdot vg^+$ | 1339 |
| $pr \cdot vg$ | 1195 |
| $pr^+ \cdot vg$ | 151 |
| $pr \cdot vg^+$ | 154 |



LIGAÇÃO

GENES LIGADOS

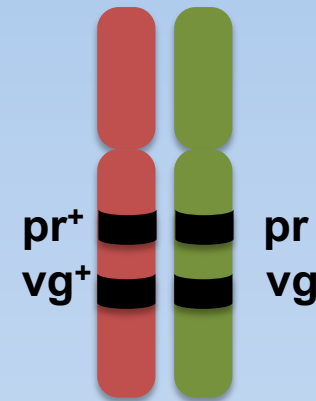
Cruzamento teste

$pr^+/pr \cdot vg^+/vg$ x $pr/pr \cdot vg/vg$

Classes de gametas

| | |
|-------------------|------|
| $pr^+ \cdot vg^+$ | 1339 |
| $pr \cdot vg$ | 1195 |
| $pr^+ \cdot vg$ | 151 |
| $pr \cdot vg^+$ | 154 |

Recombinantes



DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

GENES LIGADOS

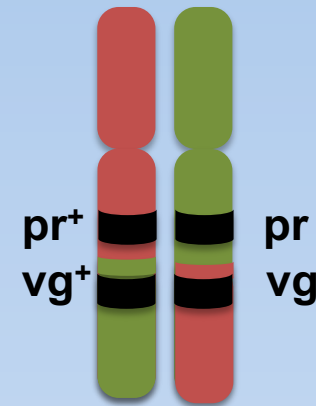
Cruzamento teste

$pr^+/pr \cdot vg^+/vg$ x $pr/pr \cdot vg/vg$

Classes de gametas

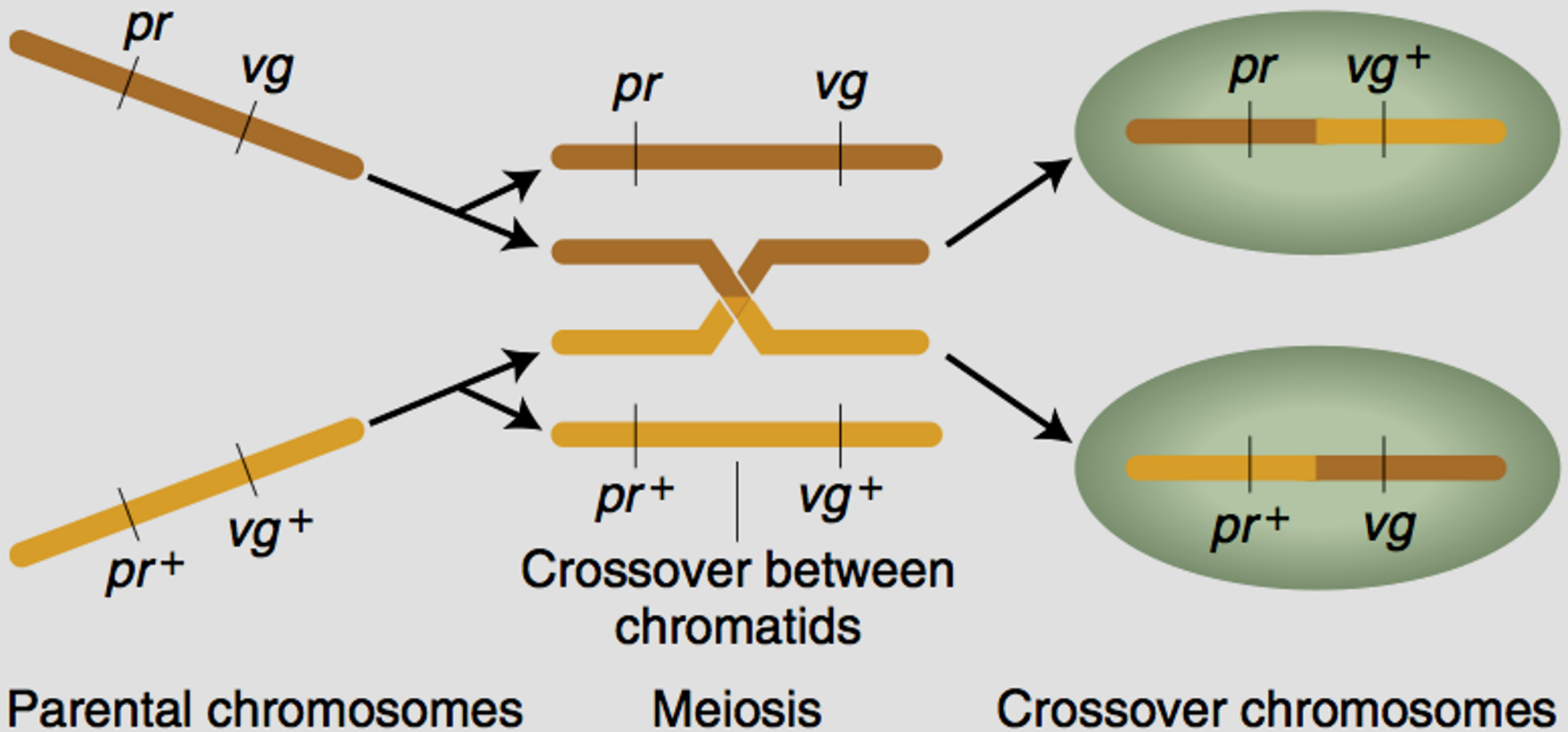
| | |
|-------------------|------|
| $pr^+ \cdot vg^+$ | 1339 |
| $pr \cdot vg$ | 1195 |
| $pr^+ \cdot vg$ | 151 |
| $pr \cdot vg^+$ | 154 |

Recombinantes



RECOMBINAÇÃO

GENES LIGADOS



DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

GENES LIGADOS

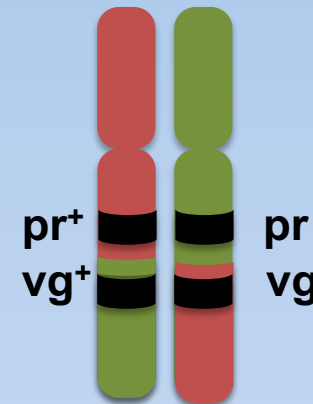
Cruzamento teste

$pr^+/pr \cdot vg^+/vg$ x $pr/pr \cdot vg/vg$

Classes de gametas

| | |
|-------------------|------|
| $pr^+ \cdot vg^+$ | 1339 |
| $pr \cdot vg$ | 1195 |
| $pr^+ \cdot vg$ | 151 |
| $pr \cdot vg^+$ | 154 |

Recombinantes



Qual é a frequência de recombinação neste cruzamento?

DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

GENES LIGADOS

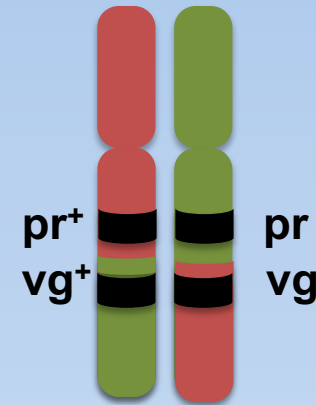
Cruzamento teste

$pr^+/pr \cdot vg^+/vg$ x $pr/pr \cdot vg/vg$

Classes de gametas

| | |
|-------------------|-------|
| $pr^+ \cdot vg^+$ | 1339 |
| $pr \cdot vg$ | 1195 |
| $pr^+ \cdot vg$ | 151 |
| $pr \cdot vg^+$ | 154 |
| | <hr/> |
| | 2839 |

Recombinantes



DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

GENES LIGADOS

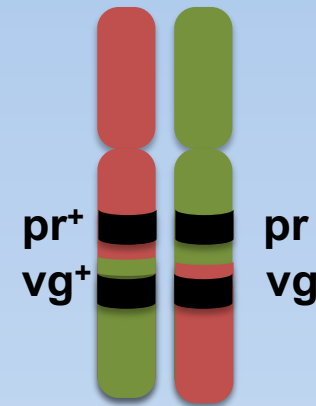
Cruzamento teste

$pr^+/pr \cdot vg^+/vg$ x $pr/pr \cdot vg/vg$

Classes de gametas

| | |
|-------------------|-------|
| $pr^+ \cdot vg^+$ | 1339 |
| $pr \cdot vg$ | 1195 |
| $pr^+ \cdot vg$ | 151 |
| $pr \cdot vg^+$ | 154 |
| | <hr/> |
| | 2839 |

Recombinantes



$$F_R = (151 + 154) / 2839 * 100 = 10,7 \%$$

DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO

GENES LIGADOS

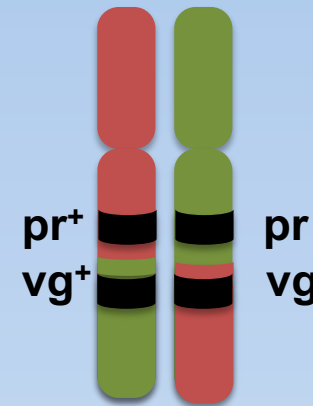
Cruzamento teste

$pr^+/pr \cdot vg^+/vg$ x $pr/pr \cdot vg/vg$

Classes de gametas

| | |
|-------------------|-------|
| $pr^+ \cdot vg^+$ | 1339 |
| $pr \cdot vg$ | 1195 |
| $pr^+ \cdot vg$ | 151 |
| $pr \cdot vg^+$ | 154 |
| | <hr/> |
| | 2839 |

Recombinantes

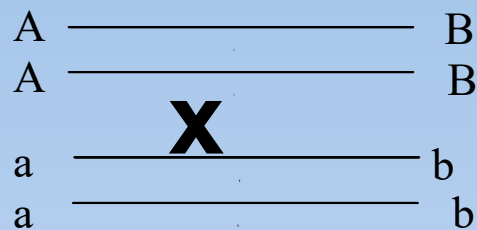


BASE DO
MAPEAMENTO
GENÉTICO

$$F_R = (151 + 154) / 2839 * 100 = 10,7 \%$$

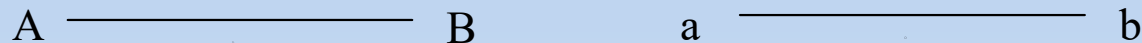
Crossing over e Ligação

Leva a separação dos genes ligados

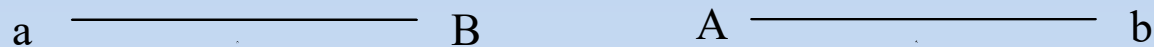


Gametas

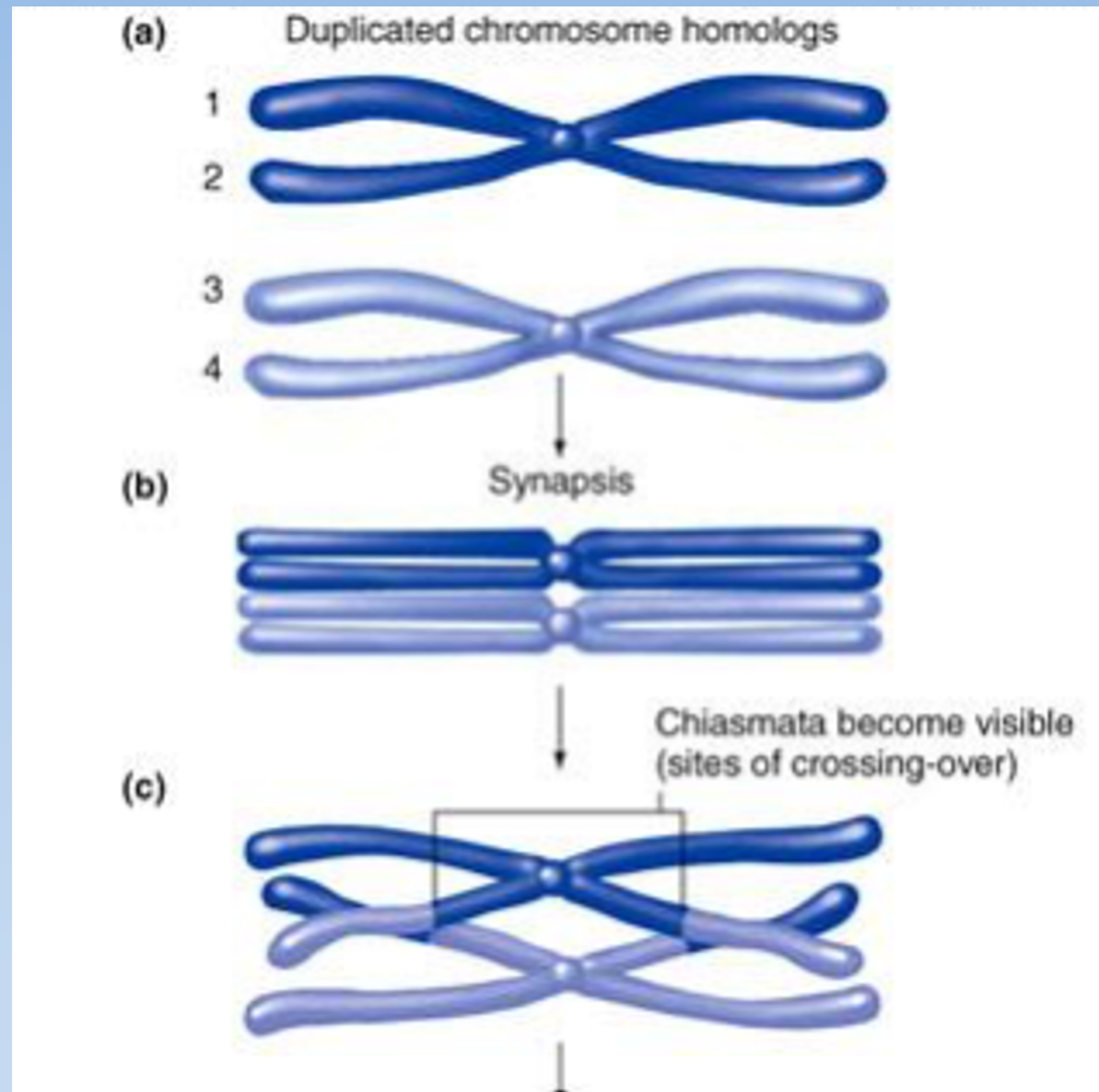
Parental



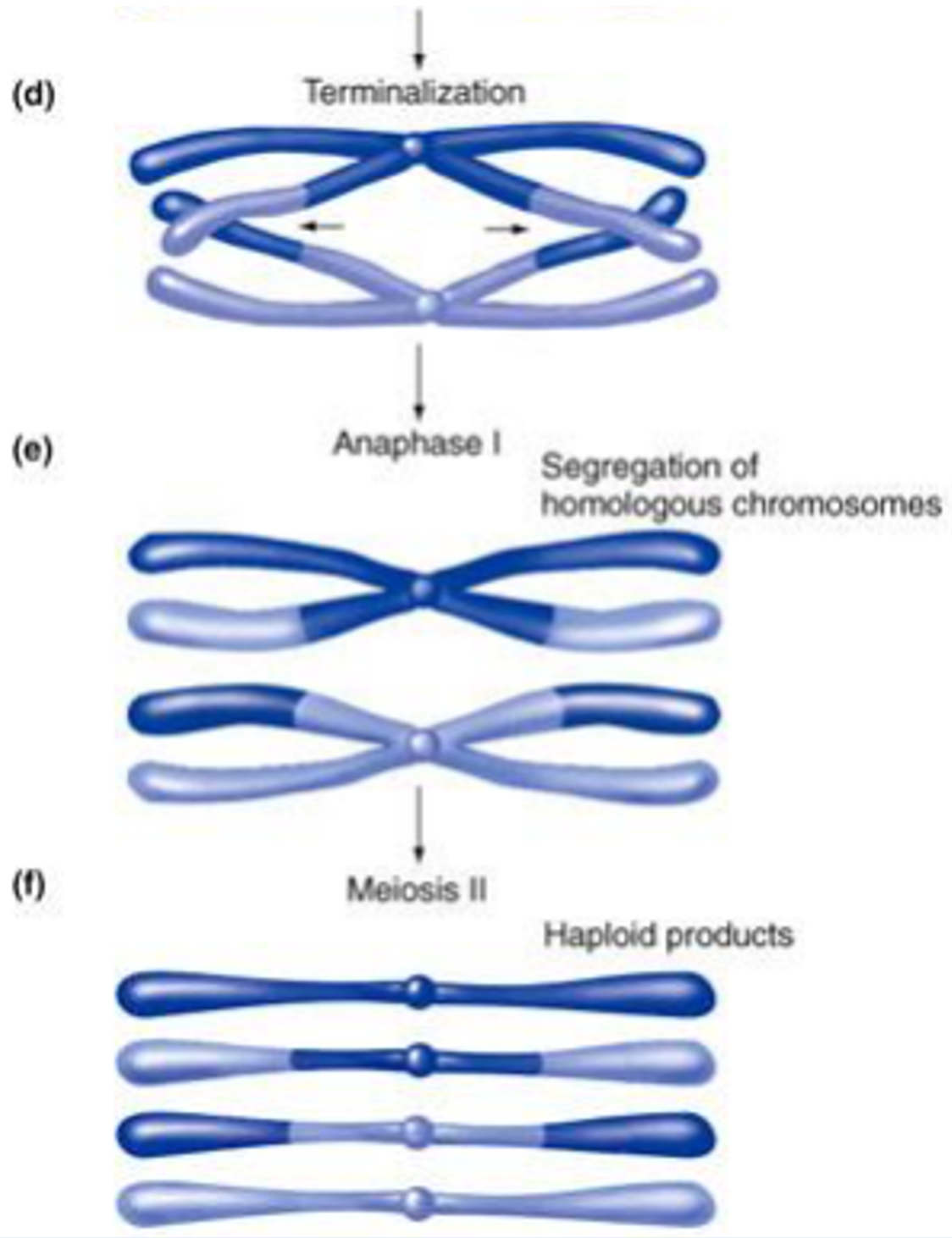
Recombinante



Quiasma marca o sitio de recombinação.



**Quiasma
marca o sítio
de
recombinação.**



Teste do Qui-quadrado usado para estudar a ligação entre genes

- Transmissão dos gametas é baseado na chance dos eventos
 - Desvios das razões 1:1:1:1 podem representar a chance de evento de recombinação acontecerem
 - Somentes as razões não irão permitir que você determine se o dado observado é significativamente diferente dos dados previstos.

O teste do Qui-quadrado mede o quanto o dado observado reflete o dado previsto.

- Leva em consideração o tamanho da amostra, ou o tamanho da população experimental.

Aplicando o teste de Qui-quadrado

- Defina a hipótese
 - Hipótese nula – valores observados não são diferentes dos valores previstos/esperados
 - Em estudos de ligação – ausência de ligação é a hipótese nula
 - Razão de 1:1:1:1 dos gametas.

$$\chi^2 = \sum \frac{(\text{Observado} - \text{esperado})^2}{\text{esperado}}$$

| Genotype | Experiment 1 | | Experiment 2 | |
|---------------|-------------------|----|-------------------|----|
| AB | 17 | | 34 | |
| ab | 14 | | 28 | |
| Ab | 8 | | 16 | |
| aB | 11 | | 22 | |
| Total | 50 | | 100 | |
| Class | Observed/Expected | | Observed/Expected | |
| Parentals | 31 | 25 | 62 | 50 |
| Recombination | 19 | 25 | 38 | 50 |

$$\chi^2 = 2.88$$

$$\chi^2 = 5.76$$

TABLE 5.1 Critical Chi Square Values

| Degrees of Freedom | | <i>p</i> Values | | | | | | |
|-----------------------|------|-----------------------------------|------|------|-------|--------------------------|-------|-------|
| | | Cannot Reject the Null Hypothesis | | | | Null Hypothesis Rejected | | |
| | | 0.99 | 0.90 | 0.50 | 0.10 | 0.05 | 0.01 | 0.001 |
| χ^2 calculations | | | | | | | | |
| 1 | — | 0.02 | .45 | 2.71 | 3.84 | 6.64 | 10.83 | |
| 2 | 0.02 | 0.21 | 1.39 | 4.61 | 5.99 | 9.21 | 13.82 | |
| 3 | 0.11 | 0.58 | 2.37 | 6.25 | 7.81 | 11.35 | 16.27 | |
| 4 | 0.30 | 1.06 | 3.36 | 7.78 | 9.49 | 13.28 | 18.47 | |
| 5 | 0.55 | 1.61 | 4.35 | 9.24 | 11.07 | 15.09 | 20.52 | |

χ^2 values that lie in the yellow-shaded region of this table allow you to reject the null hypothesis with > 95% confidence, and for recombination experiments, to postulate linkage.

P-value

In statistical hypothesis testing, the p-value is the probability of obtaining a test statistic at least as extreme as the one that was actually observed, assuming that the null hypothesis is true.[1]

One often "rejects the null hypothesis" when the p-value is less than the significance level α (Greek alpha), which is often 0.05 or 0.01. When the null hypothesis is rejected, the result is said to be statistically significant.

Although there is often confusion, the p-value is not the probability of the null hypothesis being true.

Resumo de ligação e recombinação

- Genes localizados no mesmo cromossomo perto um do outro são ligados e não segregam independentemente.
- Genes ligados levam a produção de um número maior da classe parental do que o esperado em um duplo heterozigoto
- O mecanismo de recombinação é o “crossing over”.
- Quanto mais distantes os genes maior a chance da recombinação ocorrer
- Frequência de recombinação reflete o mapa físico da distância entre os genes
- Frequências de recombinação entre dois genes variam de 0% a 50%