

# Genética Geral

Ligação (Construção de um Mapa Genético e Teste de Três Pontos)

Na elaboração de Mapas Genéticos utiliza-se o processo denominado **Teste de Três Pontos**, que consiste no cruzamento envolvendo três genes ligados.

**Por que?** Dependendo da distância entre dois genes **A** e **C** pode ocorrer mais de uma permuta, e se elas forem em número par, não são produzidos indivíduos recombinantes, por exemplo, **Ac** e **aC**. **A permuta dupla só pode ser detectada quando estão envolvidos três genes.**

# Uso do Teste de Três Pontos na Construção de um Mapa Genético

## Três características do milho

a → Cor da folha (verde ou virescente)

b → Brilho da folha (brilhante ou sem brilho)

c → Pendão (Normal ou parcialmente estéril)

$$\text{C.T.} = \text{ABC/abc} \times \text{abc/abc}$$

Os genótipos dos descendentes estão representados pelos genótipos dos gametas do progenitor **ABC/abc**, que são os únicos responsáveis pelos fenótipos dos descendentes, supondo-se que a interação alélica nos 3 locos seja dominância completa.

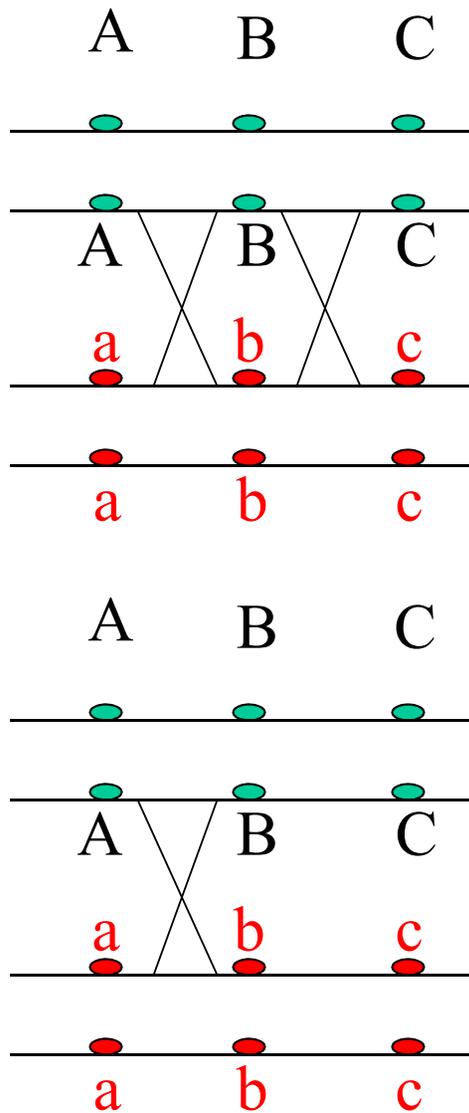
Resultado do Cruzamento Teste envolvendo três características monogênicas do milho.

| <b>Fenótipo da Descendência</b>              |                    |                | <b>Genótipo</b> | <b>Freq. Obs.</b> |
|--|--------------------|----------------|-----------------|-------------------|
| <b>Brilho da Folha, Cor da Folha, Pendão</b> |                    |                |                 |                   |
| <b>Sem brilho,</b>                           | <b>verde,</b>      | <b>normal</b>  | <b>ABC/abc</b>  | <b>235</b>        |
| <b>Brilhante,</b>                            | <b>verde,</b>      | <b>estéril</b> | <b>Abc/abc</b>  | <b>62</b>         |
| <b>Sem brilho,</b>                           | <b>verde,</b>      | <b>estéril</b> | <b>ABc/abc</b>  | <b>40</b>         |
| <b>Sem brilho,</b>                           | <b>virescente,</b> | <b>estéril</b> | <b>aBc/abc</b>  | <b>04</b>         |
| <b>Brilhante,</b>                            | <b>virescente,</b> | <b>estéril</b> | <b>abc/abc</b>  | <b>270</b>        |
| <b>Brilhante,</b>                            | <b>verde,</b>      | <b>normal</b>  | <b>AbC/abc</b>  | <b>07</b>         |
| <b>Brilhante,</b>                            | <b>virescente,</b> | <b>normal</b>  | <b>abC/abc</b>  | <b>48</b>         |
| <b>Sem brilho,</b>                           | <b>virescente,</b> | <b>normal</b>  | <b>aBC/abc</b>  | <b>60</b>         |

**TOTAL**

**726**

# Ocorrência de Permutas



**Gametas**

A B C

A b C

a B c

a b c

A B C

A b c

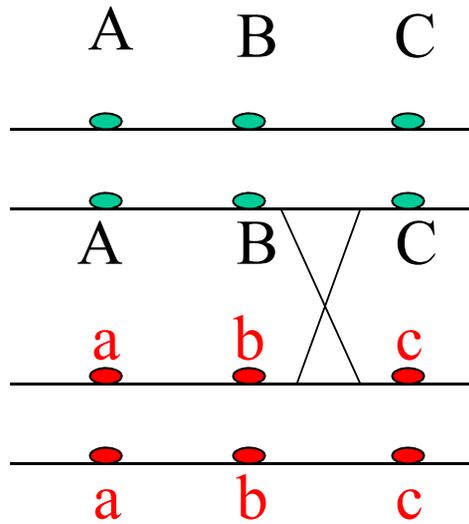
a B C

a b c

**2 permutas**

**1 permuta entre  
A e B**

# Ocorrência de Permutas



Gametas

A B C

A B c

a b C

a b c

1 permuta entre  
B e C

# Observações

1. As combinações paternas **ABC** e **abc** apresentaram a maior frequência.
2. A descendência com permuta dupla foi menos frequente e representa o produto das duas probabilidades, i.e., a probabilidade de permuta entre **A** e **B** e a probabilidade de permuta entre **B** e **C**.

**É importante determinar a ordem dos genes no cromossomo.**

**A B C → 235**

**a b c → 270**

**A b C → 07**

**a B c → 04**

**a B C → 62**

**A b c → 60**

**A B c → 40**

**a b C → 48**

## **Combinações paternas**

**Combinações com permutas duplas**

**Combinações provenientes de permuta na região I**

**Combinações provenientes de permuta na região II**

Comparando-se os duplos recombinantes com os paternos, pode-se verificar que a ordem dos genes no cromossomo é **A B C**, pois a permuta dupla só alterou o gene **B**, devendo este estar na posição intermediária.

## Estimativa da distância na Região I

Considerar todos os recombinantes provenientes da permuta na região I e também todos os duplos recombinantes, pois também sofreram recombinação na região I.

**60 A b c, 62 a B C, 7 A b C e 4 a B c = 133 recombinantes**

**F.P. =  $133/726 \times 100 = 18,3 \%$  ou**

**a distância entre A e B é 18,3 cM**

## Estimativa da distância na Região II

Considerar todos os recombinantes provenientes da permuta na região II e também todos os duplos recombinantes, pois também sofreram recombinação na região II.

**40 A B c, 48 a b C, 7 A b C e 4 a B c = 99 recombinantes**

**F.P. =  $99/726 \times 100 = 13,6 \%$  ou**

**a distância entre B e C é 13,6 cM**

## Estimativa da Interferência

A permuta em uma região pode interferir com a ocorrência de outra adjacente. Este fenômeno é conhecido como **Interferência**. Quanto mais próximos estiverem os pontos de permuta, maior é a interferência.

**Coincidência** é a proporção de duplas permutas esperadas que são observadas.

A frequência de permuta dupla observada (**FPDO**) é dada por:

$$\text{FPDO} = \frac{\text{Número de recombinantes}}{\text{Número total de descendentes}} \times 100$$

$$\text{FPDO} = 7 + 4/726 \times 100 = \mathbf{1,5 \%}$$

A frequência de permuta dupla esperada (**FPDE**) é a probabilidade de ocorrer permuta nas regiões I e II simultaneamente.

$$\text{FPDE} = \frac{\text{Distância na região I} \times \text{Distância na região II}}{100}$$

$$\text{FPDE} = \frac{18,3 \times 13,6}{100} = \mathbf{2,5 \%}$$

$$I = 1 - \frac{1,5}{2,5} = 0,4$$

**40 % das permutas duplas esperadas não foram observadas.**

De posse destes dados, pode-se esquematizar o **MAPA GENÉTICO** para estes três genes.

