

Funciones de mapa

La fracción de recombinación (r) es la frecuencia con que forma gametos recombinantes un doble heterocigoto para dos genes ligados. El valor de la fracción de recombinación es equivalente a la mitad de la probabilidad ($2r$) de que se forme al menos un sobrecruzamiento entre los dos genes:

$$2r = f_1 + f_2 + f_3 + \dots + f_n$$

y, obviamente: $f_0 = 1 - 2r$

en donde $f_0, f_1, f_2, f_3, \dots, f_n$, son las frecuencias de 0, 1, 2, 3, ..., n sobrecruzamientos, respectivamente (véase [deducción](#)).

Por otra parte, la distancia entre dos genes ligados es directamente proporcional al número medio (m) de sobrecruzamientos que se producen entre ellos ($m = f_1 + 2f_2 + 3f_3 + \dots + nf_n$), tomándose $m/2$ (y no m) como una medida de la distancia entre los dos genes, y siendo la unidad de medida el morgan (M) o, mucho más frecuentemente utilizada, el centimorgan (cM):

$$\text{distancia} = \frac{m}{2} M = 50m \text{ cM}; \quad (1 M = 100 \text{ cM})$$

Mediante el análisis de distintas segregaciones pueden hacerse [estimaciones de la fracción de recombinación](#) (r) para dos genes ligados y, por tanto, de la probabilidad de que se produzca al menos un sobrecruzamiento entre esos dos genes ($2r$).

Las funciones de mapa tratan de estimar el número medio de sobrecruzamientos (m) que se producen entre dos genes ligados, conocida su fracción de recombinación (r).

Función de mapa de Haldane

La [serie de Poisson](#) describe la frecuencia de las clases de muestras con 0, 1, 2, 3, ..., n sucesos originados de forma independiente, cuando el número medio de sucesos por muestra es pequeño en relación con el número total de veces que dicho suceso podría ocurrir. En estas condiciones las frecuencias de la serie de Poisson son prácticamente iguales a las de la correspondiente [distribución binomial](#). El término general de la serie de Poisson es:

$$f_i = \frac{e^{-m} m^i}{i!}$$

en donde f_i es la frecuencia de la clase con i sucesos; e es la base del logaritmo neperiano ($e \approx 2.7$); m es el número medio de sucesos (la media de la distribución); $i!$ es el símbolo de factorial.

El razonamiento del que se deriva la función de Haldane para la estimación de m está basado en el supuesto de que las frecuencias $f_0, f_1, f_2, \dots, f_n$ con que se producen 0, 1, 2, ..., n sobrecruzamientos sigan la serie de Poisson. Conocida la fracción de recombinación (r) para dos genes ligados, podría estimarse el número medio de sobrecruzamientos (m) que se producen entre esos dos genes a partir de la ecuación:

$$f_0 = \frac{e^{-m} m^0}{0!} = 1 - 2r = e^{-m}; \quad m = -\ln(1 - 2r)$$

El problema es que los sobrecruzamientos no se originan de forma independiente. Cuando el segmento cromosómico no es muy grande, las frecuencias de dos o más sobrecruzamientos son inferiores a las esperadas según la distribución binomial (o la serie de Poisson). Es decir, el que se produzca un sobrecruzamiento, disminuye la probabilidad de que se produzca un segundo sobrecruzamiento en el mismo segmento. Este fenómeno se denomina [interferencia](#) de quiasmas.

Número medio de sobrecruzamientos (m) en el supuesto de interferencia total

Para genes no muy alejados, la existencia de interferencia puede dar lugar a que entre ellos se forme un sobrecruzamiento como máximo. Es decir, eso equivale a una interferencia total, en el sentido de que el que se produzca un sobrecruzamiento en ese segmento anula por completo la posibilidad de que se produzcan otros sobrecruzamientos en el mismo segmento. En estos casos, la distancia es equivalente a la fracción de recombinación: $m = f_1 = 2r$; $r = m/2$. Esta equivalencia entre la fracción de recombinación (r) y la mitad del número medio de sobrecruzamientos entre dos genes ($m/2$) en situaciones de interferencia total es la razón por la que se toma $m/2$ (y no m) como medida de la distancia entre dos genes.

Función de mapa de Kosambi

La Función de Haldane y el supuesto de interferencia total proporcionan, respectivamente, los valores máximo y mínimo de m , y por tanto de la distancia entre dos genes (50m cM). La función de Kosambi proporciona valores de m intermedios a esos dos extremos, se ha podido comprobar en algunos organismos que se ajusta razonablemente a la situación real, y por ello es la estimación más frecuentemente utilizada en la asignación de distancias entre genes a partir de su fracción de recombinación. La función de mapa de Kosambi es:

$$m = \frac{1}{2} \ln \left(\frac{1 + 2r}{1 - 2r} \right)$$

En la figura de la derecha se representan gráficamente las estimaciones de la distancia entre dos genes (50m cM) en función de su fracción de recombinación según los tres métodos descritos. La función de mapa de Haldane supone ausencia de interferencia de quiasmas, la equiparación entre fracción de recombinación y distancia ($r = m/2$) supone la existencia de interferencia total, mientras que la función de mapa de Kosambi proporciona valores intermedios a los dos supuestos anteriores.

Nótese que para valores pequeños de la fracción de recombinación (r) las tres estimaciones proporcionan valores de distancia muy parecidos.

