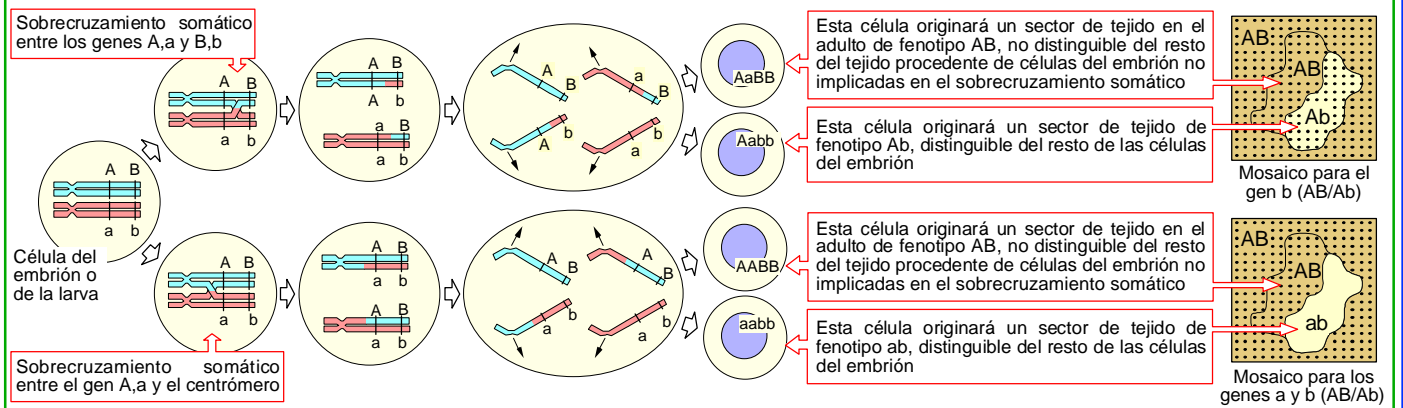


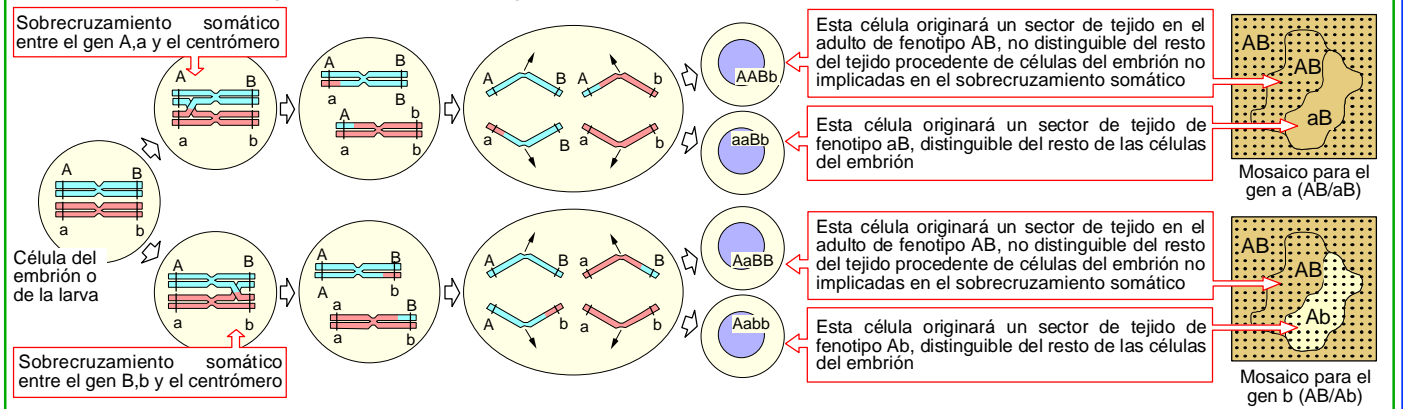
## Posición relativa de genes y centrómero establecida a partir de mosaicos en *Drosophila*. I. Acoplamiento

En *Drosophila*, el análisis de **mosaicos** producidos por sobrecruzamiento somático permite elaborar mapas genéticos que incluyen la posición relativa del centrómero. Las siguientes figuras se refieren a un doble heterocigoto en fase de acoplamiento para los genes A,a (A= punteado; a= liso) y B,b (B= color oscuro; b= color claro), situados en el mismo cromosoma (en el caso de **repulsión** aparecen diferentes mosaicos). Existen tres posibilidades en cuanto a la posición relativa del centrómero con respecto a esos dos genes: (I) Los dos genes en el mismo brazo, con el gen A,a más cerca del centrómero; (II) Los dos genes en distinto brazo; (III) Los dos genes en el mismo brazo, con el gen B,b más cerca del centrómero. En estas figuras se indican esquemáticamente los tipos de mosaicos que podrían formarse en cada uno de esos casos.

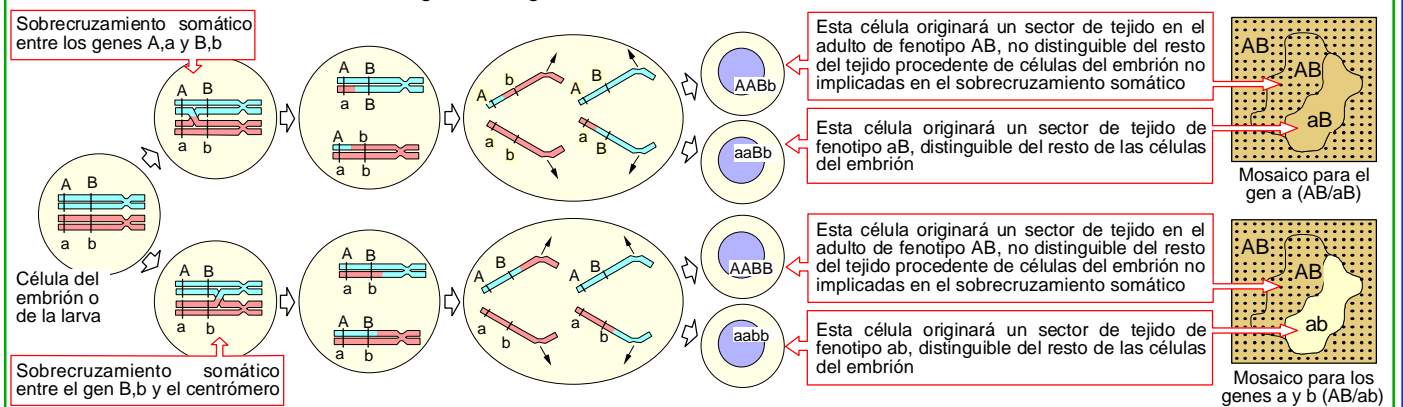
### I.- Situación relativa: centrómero - gen A,a - gen B,b



### II.- Situación relativa: gen A,a - centrómero - gen B,b



### III.- Situación relativa: centrómero - gen B,b - gen A,a



**Conclusión:** Si los dos genes están situados en el mismo brazo cromosómico, se forman mosaicos con fenotipo recesivo sólo para el gen más alejado del centrómero o con fenotipo recesivo para los dos genes. Si los dos genes están situados en distinto brazo cromosómico, se forman mosaicos con fenotipo recesivo para uno u otro de los genes, pero no para los dos simultáneamente.

En las figuras de la derecha se muestran ejemplos de los tipos de mosaicos que aparecen en dobles heterocigotos en acoplamiento para los genes situados en el cromosoma X, yellow ( $y^+;y$ ; cuerpo amarillo y quetas más claras) y forked ( $f^+;f$ ; quetas rizadas). Estos resultados indican que el gen  $y^+$  está más alejado del centrómero que el gen  $f^+$ . Además, como cada mosaico se origina a partir de un sobrecruzamiento somático producido en un segmento específico, las longitudes relativas de esos segmentos pueden considerarse equivalentes a las frecuencias relativas de los correspondientes mosaicos. Por ejemplo, si al analizar los mosaicos producidos en individuos dobles heterocigotos en acoplamiento para estos dos genes, se observa un 40% de mosaicos yellow y un 60% de mosaicos yellow-forked el mapa genético correspondiente es el que se indica en la figura inferior.

