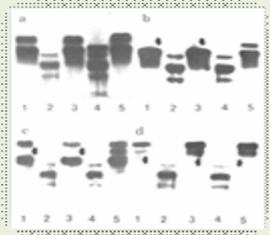
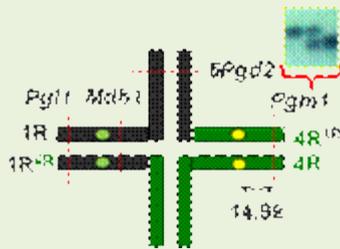


# MAPAS GENÉTICOS Y CITOGENÉTICOS



Localización cromosómica de las peroxidasas de trigo hexaploide en los brazos 4AL, 7BS y 7DS.



Mapa citogenético en centeno con marcadores isoenzimáticos y puntos de translocación.



Translocación entre los cromosomas 1R y 3R de centeno (Bandeo C).



Mapa del cromosoma 7R con diferentes marcadores moleculares y el gen *Al4* de tolerancia al aluminio.

Los puntos fundamentales de la Teoría Cromosómica de la Herencia son:

Los genes están en los cromosomas.

La ordenación de los genes sobre los cromosomas es lineal.

El intercambio de segmentos entre cromosomas homólogos (entrecruzamiento o sobrecruzamiento) origina nuevas combinaciones de genes (recombinación).

Por tal motivo, localizar genes (averiguar en qué cromosoma se encuentran) y ordenarlos linealmente sobre los cromosomas (construir mapas) son actividades clásicas y fundamentales en Genética. El conocimiento de la posición de un gen nos abre la posibilidad de identificarlo y de obtener su secuencia de nucleótidos aunque desconozcamos su función (Clonación Posicional). Para elaborar mapas de los cromosomas es necesario disponer de muchos marcadores genéticos (gen o secuencia de DNA) variables. Por ello, el desarrollo de los mapas ha ido paralelo a la puesta a punto de nuevos marcadores genéticos.

En nuestro laboratorio, localizamos diferentes tipos de marcadores moleculares como las isoenzimas, proteínas de reserva de la semilla, fragmentos de DNA amplificados al azar (RAPD), intermicrosatélites (ISSR) y microsatélites (SSR) en trigo, centeno y cebada, mediante el empleo de plantas con diferentes constituciones cromosómicas. Relacionamos la presencia o ausencia de un determinado cromosoma o brazo cromosómico con la presencia o ausencia de un determinado marcador. Todos los marcadores que se encuentran en el mismo cromosoma constituyen un Grupo de Ligamiento.

A partir de cruzamientos en los que segregan simultáneamente diferentes tipos de marcadores, morfológicos, cromosómicos (translocaciones) y moleculares, ordenamos linealmente los genes que se localizan en el mismo cromosoma. Para ello, estimamos Distancias Genéticas (diferentes a las distancias físicas) basadas en que la probabilidad de que se de un intercambio en meiosis (entrecruzamiento o sobrecruzamiento) entre dos marcadores cualesquiera situados en el mismo cromosoma, es tanto mayor cuanto más alejados se encuentran (mayor distancia física), y mucho menor cuando están muy próximos. Mediante este tipo de análisis de ligamiento obtenemos mapas genéticos y citogenéticos en trigo, centeno y cebada.