



Introducción a la Biología Molecular Computacional IC-8022

Profesor:

Francisco Torres Rojas

Recombinación de Genes

Estudiantes:

Carlos Mauricio Girón Alas - 2014113159

Amanda Solano Astorga - 2013100025

26 de abril del 2017

Índice

1. Introducción	1
2. Recombinación de Genes	2
2.1. Ligamiento	2
2.1.1. Genes Ligados y no ligados	2
2.1.2. Fases de Ligamiento	2
2.2. Mapas Cromosomicos	3
2.2.1. Centimorgans	3
2.2.2. Frecuencia en la probabilidad de recombinación	4
2.2.3. Mapas Físicos	4
3. Reporte de Resultados	5
3.1. Caso 1:	5
3.2. Caso 2:	7
3.3. Caso 3:	10
3.4. Caso 4:	14
4. Bibliografía	17

1. Introducción

Durante años la herencia fue un misterio para la humanidad y aunque los resultados de Mendel brindaron una luz para futuros descubrimientos, estos no fueron capaces de explicar los descubrimientos y avances en biología y genética que ocurrieron años después.

Principalmente, con lo que ahora conocemos como genes ligados y lo que ocurre con ellos durante el proceso de recombinación, fenómeno que Mendel nunca reportó en sus resultados.

El propósito de esta investigación es adentrarnos en la recombinación genética y en la representación de los genes dentro de los cromosomas por medio de los mapas cromosómicos. Para dicho propósito, este documento se encuentra dividido en dos secciones, la primera de ella es la recombinación de Genes, donde se abordaran temas fundamentales para entender el comportamiento de los genes en los cromosomas y así comprender mejor el fenómeno de la herencia.

La segunda sección, es un reporte que incluye ejercicios sobre mapas cromosómicos realizados por el software que fue diseñado para dicha función. El funcionamiento de este será explicado más adelante en dicha sección.

2. Recombinación de Genes

Tomas Hunt Morgan fue un genetista estadounidense que aportó grandes contribuciones a dicho campo con su descubrimiento en *Drosophila melanogaster*, mejor conocida como la mosca de la fruta.

Dichos descubrimientos consistieron en cruzar las moscas de las frutas y seguir los escritos de Mendel sobre herencia, en dichos experimentos Morgan pudo deducir algunas cosas, una de ellas es que existen características que son heredadas únicamente por machos o por hembras, lo que lo llevo a deducir que existen genes que se encuentran ligados al sexo. Por otro lado, también concluyo que tomando en cuenta el número finito de cromosomas que existen en el genoma humano, muchos genes viajan o se heredan dentro del mismo cromosoma y que estos se encuentran ligados de uno o otra forma.

En base a dichos descubrimientos y con ayuda de Sturtevant, que era uno de sus asistentes durante los estudios que realizo con la mosca de la fruta, logró representar los genes dentro del cromosoma mediante algo que llamo mapa cromosómico.

Para entender mejor los resultados y la importancia de los descubrimientos de Morgan y Sturtevant, es importante enfocarse en algunos temas que serán expuestos a continuación

2.1. Ligamiento

2.1.1. Genes Ligados y no ligados

La teoría cromosómica propuesta por Sutton y Hunt propone, como se menciono anteriormente, que debido a que existen más genes que cromosomas, estos deben de "viajar" o "vivir" juntos dentro del mismo cromosoma, lo que da como resultado que de una otra forma estos estén ligados y por lo tanto pertenezcan al mismo grupo de ligamiento.

Normalmente dichos genes suelen mantenerse juntos durante la división celular. Aunque durante el proceso de meiosis, puede llevarse a cabo un intercambio de segmentos dando como consecuencia que los genes se desliguen y provocando así una recombinación genética.

Es común escuchar de genes ligados cuando se hace referencia al sexo, ya que muchos genes están directamente relacionados con el cromosoma X.

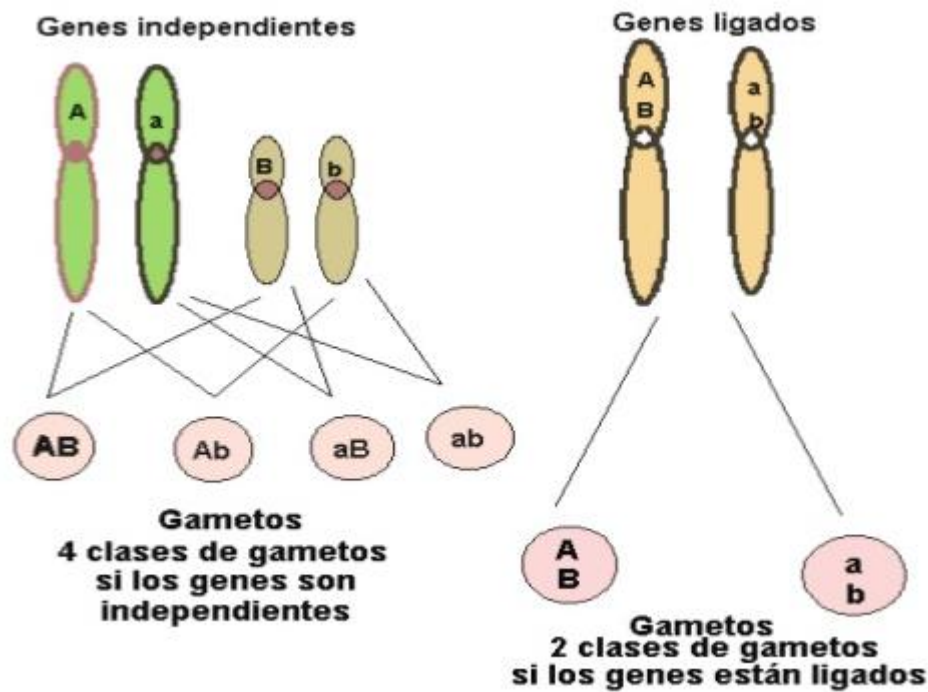
Por otro lado, y como se puede intuir, los genes no ligados viajan en cromosomas independientes y cuando ocurre algún cruce tiene el comportamiento de herencia explicado por Mendel en sus estudios.

En la siguiente imagen se muestra como se distribuyen los genes para el proceso de cruce.

2.1.2. Fases de Ligamiento

El proceso de ligamiento de genes, cuenta con cuatro fases:

1. Acoplamiento: Cuando el cromosoma heredado del padre posee dos genes dominantes, entra en la fase de acoplamiento, por ende, en el cromosoma materno estarán los alelos recesivos de ambos genes si este es heterocigoto. Cuando esto sucede se dice que el ligamiento es *Cis*.



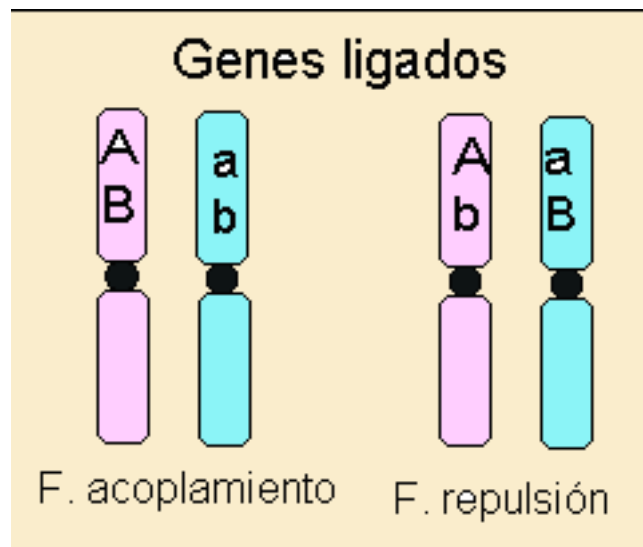
2. Repulsión: Se dice que el ligamiento es en trans, cuando existe dentro del gen un alelo dominante y recesivo y este se encuentra de forma inversa en el cromosoma homólogo.
3. Parcial: En esta fase, la distancia entre genes influyen. Si la distancia es muy grande puede llevarse a cabo el entrecruzamiento sin que se lleve a cabo la recombinación, en otras ocasiones puede no darse ninguna de las anteriores llevando a cabo que los gametos sean una copia exacta de los progenitores
4. Total: Morgan descubrió, que entre más cerca estén dos genes es menor la probabilidad de que estos sean separados y por lo tanto se heredan o mantienen en la misma cantidad que sus progenitores.

En la siguiente imagen se puede apreciar de forma gráfica el ejemplo de la fase de Acoplamiento y Repulsión.

2.2. Mapas Cromosomicos

2.2.1. Centimorgans

Se conoce como centimorgans a la medida que es utilizada para medir la cercanía existente entre dos marcadores genéticos en un cromosoma y con base a esta información conocer la probabilidad de los genes sean separados durante el entrecruzamiento o recombinación. Un centimorgan equivale a un 1 % de probabilidad de que un gen sea separado de otro, esto es equivalente a un millón de pares bases en una secuencia de ADN dentro del genoma humano.



2.2.2. Frecuencia en la probabilidad de recombinación

Cuando se lleva a cabo el entrecruzamiento entre genes, se suelen producir cuatro gametos, dos de ellos son recombinantes, por lo tanto se dice que la frecuencia de recombinación es igual a la mitad de frecuencia del entrecruzamiento, siendo así la frecuencia máxima de un 50 %.

Para calcular la probabilidad de la frecuencia de combinación se suele utilizar la siguiente formula:

$$frecuencia = \frac{a}{b} \times 100 \quad (1)$$

Donde a es igual al número de los individuos recombinantes y b el total de los individuos.

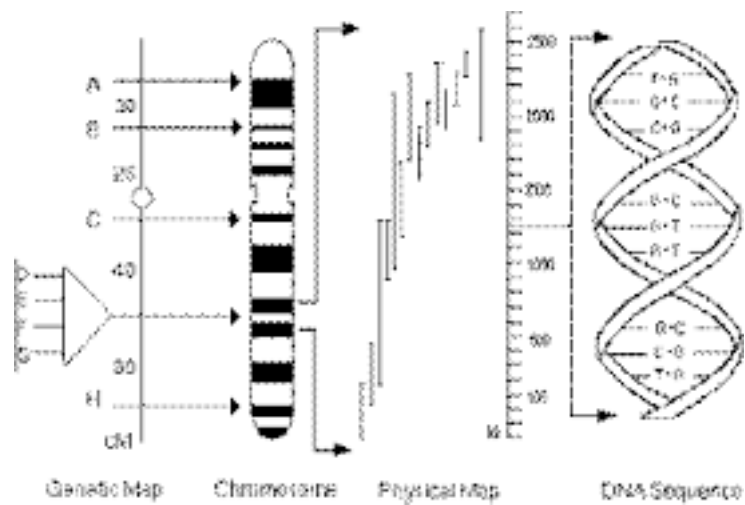
Cuando se habla de frecuencia de recombinación se suele utilizar los centimorgans como medida de referencia.

2.2.3. Mapas Físicos

Cuando se hablan de mapas en genética, existen dos opciones: la primera de ella trabaja con la frecuencia en la probabilidad de combinación y es conocido como mapa genético.

El otro tipo de mapa, utiliza como insumo la distancia base de los cromosomas, que normalmente es medida con pares de bases. Este tipo es el mapa físico. Usualmente este mapa, suele tener una mayor resolución y ser más exacto que los genéticos.

En la imagen que se muestra abajo se puede apreciar la diferencia entre ambos mapas y su relación con los cromosomas y el ADN.



3. Reporte de Resultados

3.1. Caso 1:

1. A - C - 0,35
2. B - C - 0,30
3. A - D - 0,20

Si vamos agregando una por una las probabilidades en el orden dado previamente el programa da el siguiente resultado:

The screenshot shows a terminal window with the following output:

```

carlos@carlos-G5513W:~/Documents/Repos/BNC-Proyecto1$ ./mapas
Entrada Manual
examples/caso 1-1.csv
0,350000
0
CURRENT CHAINS: 1
Chain 0 with 2 relations: ACTIVE
A -- C -- 0,350000
C -- ** -- 0,000000

END HERE

RESULT
Chains Used: 1
  
```

Below the terminal window is a graphical interface titled "mapas". It contains a table for inputting crossover probabilities between genes A, B, C, and D.

	A	B	C	D
A	0.0	-	0,35	-
B	-	-	-	-
C	-	-	-	-
D	-	-	-	-

Below the table, there is a text input field for the filename, which contains "caso 1-1". At the bottom right, there is a button labeled "Obtener Solucion".

```

carlos@carlos-G5513W:~/Documents/Repos/BMC-Proyecto1$ ./mapas
Tamaño4
Entrada Archivo
examples/.cvs
0,350000
0,300000
0,300000
0
CURRENT CHAINS: 3
Chain 0 with 2 relations: INACTIVE
A -- C -- 0,350000
C -- ** -- 0,000000

Chain 1 with 3 relations: INACTIVE
A -- C -- 0,350000
C -- B -- 0,300000
B -- ** -- 0,000000

Chain 2 with 3 relations: ACTIVE
A -- B -- 0,050000
B -- C -- 0,300000
C -- ** -- 0,000000

END HERE

RESULT
Chains Used: 3

```

+

-

mapas

Ingrese las probabilidades de crossover respectivas entre cada gen

	A	B	C	D
A	-	-	0,35	-
B		-	0,3	-
C			-	-
D				-

Ingrese el nombre del archivo para guardar los datos

Obtener Solucion

Mapas Cromosomicos

```

carlos@carlos-G5513W:~/Documents/Repos/BMC-Proyecto1$ ./mapas
Tamaño4
Entrada Archivo
examples/.cvs
0,350000
0,200000
0,300000
0
CURRENT CHAINS: 5
Chain 0 with 2 relations: INACTIVE
A -- C -- 0,350000
C -- ** -- 0,000000

Chain 1 with 3 relations: INACTIVE
A -- C -- 0,350000
C -- B -- 0,300000
B -- ** -- 0,000000

Chain 2 with 3 relations: INACTIVE
A -- B -- 0,050000
B -- C -- 0,300000
C -- ** -- 0,000000

Chain 3 with 4 relations: ACTIVE
A -- B -- 0,050000
B -- D -- 0,150000
D -- C -- 0,150000
C -- ** -- 0,000000

Chain 4 with 4 relations: INACTIVE
D -- A -- 0,200000
A -- B -- 0,050000
B -- C -- 0,300000
C -- ** -- 0,000000

END HERE

RESULT
Chains Used: 5

```

+

-

mapas

Ingrese las probabilidades de crossover respectivas entre cada gen

	A	B	C	D
A	-	-	0,35	0,2
B		-	0,3	-
C			-	-
D				-

Ingrese el nombre del archivo para guardar los datos

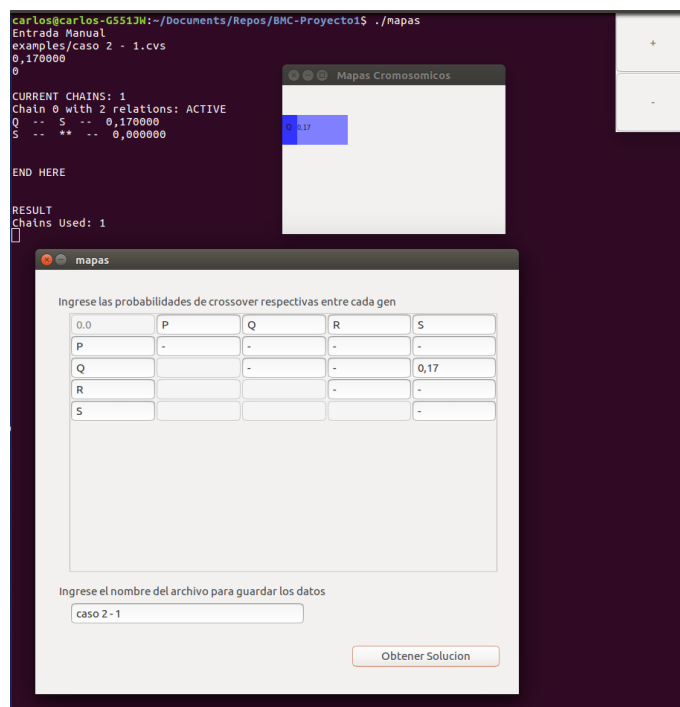
Obtener Solucion

Mapas Cromosomicos

3.2. Caso 2:

1. Q - S - 0,17
2. Q - R - 0,13
3. P - S - 0,12
4. P - R - 0,08
5. P - Q - 0,05

Si vamos agregando una por una las probabilidades en el orden dado previamente el programa da el siguiente resultado:



```

carlos@carlos-G551JW:~/Documents/Repos/BMC-Proyecto1$ ./mapas
Entrada Manual
examples/caso 2 - 1.csv
0,170000
0

CURRENT CHAINS: 1
Chain 0 with 2 relations: ACTIVE
Q -- S -- 0,170000
S -- ** -- 0,000000

END HERE

RESULT
Chains Used: 1
examples/caso 2 - 2.csv
0,130000
0,170000
0

CURRENT CHAINS: 3
Chain 0 with 2 relations: INACTIVE
Q -- S -- 0,170000
S -- ** -- 0,000000

Chain 1 with 3 relations: ACTIVE
Q -- R -- 0,130000
R -- S -- 0,040000
S -- ** -- 0,000000

Chain 2 with 3 relations: ACTIVE
R -- Q -- 0,130000
Q -- S -- 0,170000
S -- ** -- 0,000000

END HERE

RESULT
Chains Used: 3

```

Mapas Cromosomicos

mapas

Ingrese las probabilidades de crossover respectivas entre cada gen

0.0	P	Q	R	S
P	-	-	-	-
Q		-	0,13	0,17
R			-	-
S				-

Ingrese el nombre del archivo para guardar los datos

Obtener Solucion

```

RESULT
Chains Used: 3
examples/caso 2 - 3.csv
0,120000
0,130000
0,170000
0

CURRENT CHAINS: 7
Chain 0 with 2 relations: INACTIVE
Q -- S -- 0,170000
S -- ** -- 0,000000

Chain 1 with 3 relations: INACTIVE
Q -- R -- 0,130000
R -- S -- 0,040000
S -- ** -- 0,000000

Chain 2 with 3 relations: INACTIVE
R -- Q -- 0,130000
Q -- S -- 0,170000
S -- ** -- 0,000000

Chain 3 with 4 relations: ACTIVE
Q -- R -- 0,130000
R -- S -- 0,040000
S -- P -- 0,120000
P -- ** -- 0,000000

Chain 4 with 4 relations: ACTIVE
Q -- P -- 0,050000
P -- R -- 0,080000
R -- S -- 0,040000
S -- ** -- 0,000000

Chain 5 with 4 relations: ACTIVE
R -- Q -- 0,130000
Q -- S -- 0,170000
S -- P -- 0,120000
P -- ** -- 0,000000

Chain 6 with 4 relations: ACTIVE
R -- Q -- 0,130000
Q -- P -- 0,050000
P -- S -- 0,120000
S -- ** -- 0,000000

END HERE

RESULT
Chains Used: 7

```

Mapas Cromosomicos

mapas

Ingrese las probabilidades de crossover respectivas entre cada gen

0.0	P	Q	R	S
P	-	-	-	0,12
Q		-	0,13	0,17
R			-	-
S				-

Ingrese el nombre del archivo para guardar los datos

Obtener Solucion

+

-

RESULT

Chains Used: 7

examples/caso 2 - 4.cvs

0,050000

0,120000

0,130000

0,170000

0

CURRENT CHAINS: 7

Chain 0 with 2 relations: INACTIVE

Q -- S -- 0,170000

S -- ** -- 0,000000

Chain 1 with 3 relations: INACTIVE

Q -- R -- 0,130000

R -- S -- 0,040000

S -- ** -- 0,000000

Chain 2 with 3 relations: INACTIVE

R -- Q -- 0,130000

Q -- S -- 0,170000

S -- ** -- 0,000000

Chain 3 with 4 relations: INACTIVE

Q -- R -- 0,130000

R -- S -- 0,040000

S -- P -- 0,120000

P -- ** -- 0,000000

Chain 4 with 4 relations: ACTIVE

Q -- P -- 0,050000

P -- R -- 0,080000

R -- S -- 0,040000

S -- ** -- 0,000000

Chain 5 with 4 relations: INACTIVE

R -- Q -- 0,130000

Q -- S -- 0,170000

S -- P -- 0,120000

P -- ** -- 0,000000

Chain 6 with 4 relations: INACTIVE

R -- Q -- 0,130000

Q -- P -- 0,050000

P -- S -- 0,120000

S -- ** -- 0,000000

END HERE

RESULT

Chains Used: 7

Mapas Cromosomicos

Q 0,05 P 0,08 R 0,04 S

mapas

Ingrese las probabilidades de crossover respectivas entre cada gen

0.0	P	Q	R	S
P	-	-	0,08	0,12
Q		-	0,13	0,17
R			-	-
S				-

Ingrese el nombre del archivo para guardar los datos

caso 2 - 4

Obtener Solucion

+

-

RESULT

Chains Used: 7

examples/caso 2 - 5.cvs

0,050000

0,080000

0,120000

0,130000

0,170000

0

CURRENT CHAINS: 7

Chain 0 with 2 relations: INACTIVE

Q -- S -- 0,170000

S -- ** -- 0,000000

Chain 1 with 3 relations: INACTIVE

Q -- R -- 0,130000

R -- S -- 0,040000

S -- ** -- 0,000000

Chain 2 with 3 relations: INACTIVE

R -- Q -- 0,130000

Q -- S -- 0,170000

S -- ** -- 0,000000

Chain 3 with 4 relations: INACTIVE

Q -- R -- 0,130000

R -- S -- 0,040000

S -- P -- 0,120000

P -- ** -- 0,000000

Chain 4 with 4 relations: ACTIVE

Q -- P -- 0,050000

P -- R -- 0,080000

R -- S -- 0,040000

S -- ** -- 0,000000

Chain 5 with 4 relations: INACTIVE

R -- Q -- 0,130000

Q -- S -- 0,170000

S -- P -- 0,120000

P -- ** -- 0,000000

Chain 6 with 4 relations: INACTIVE

R -- Q -- 0,130000

Q -- P -- 0,050000

P -- S -- 0,120000

S -- ** -- 0,000000

END HERE

RESULT

Chains Used: 7

Mapas Cromosomicos

Q 0,05 P 0,08 R 0,04 S

mapas

Ingrese las probabilidades de crossover respectivas entre cada gen

0.0	P	Q	R	S
P	-	0,05	0,08	0,12
Q		-	0,13	0,17
R			-	-
S				-

Ingrese el nombre del archivo para guardar los datos

caso 2 - 5

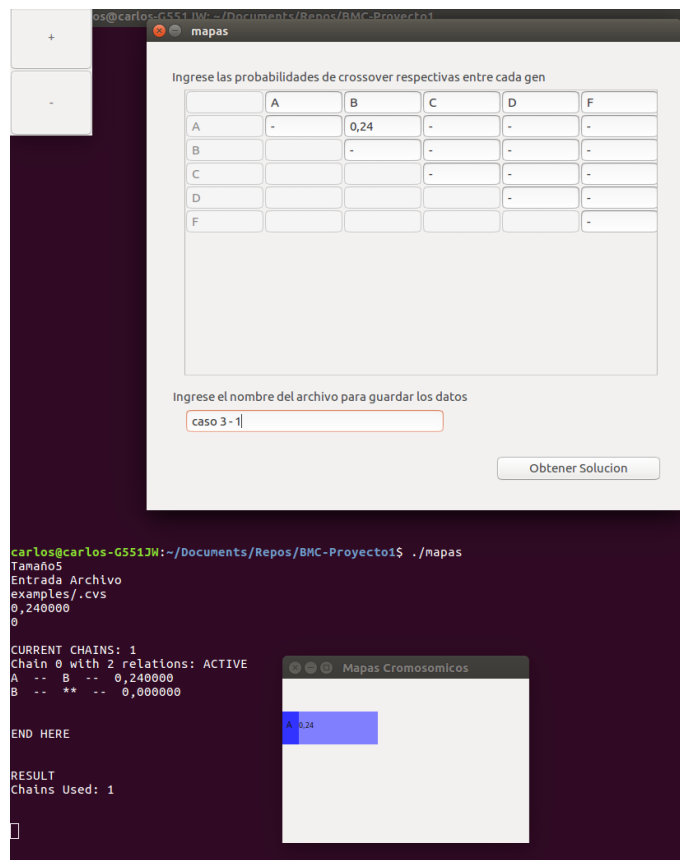
Obtener Solucion

9

3.3. Caso 3:

1. A - B - 0,24
2. A - F - 0,16
3. A - C - 0,08
4. F - B - 0,08
5. D - F - 0,06
6. C - D - 0,02

Si vamos agregando una por una las probabilidades en el orden dado previamente el programa da el siguiente resultado:



mapas

Ingrese las probabilidades de crossover respectivas entre cada gen

	A	B	C	D	F
A	-	0,24	-	-	-
B		-	-	-	-
C			-	-	-
D				-	-
F					-

Ingrese el nombre del archivo para guardar los datos

caso 3-1

Obtener Solucion

```
carlos@carlos-G551JW:~/Documents/Repos/BMC-Proyecto1$ ./mapas
Tamaño5
Entrada Archivo
examples/.cvs
0,240000
0
CURRENT CHAINS: 1
Chain 0 with 2 relations: ACTIVE
A -- B -- 0,240000
B -- ** -- 0,000000
END HERE
RESULT
Chains Used: 1
```

Mapas Cromosomicos

A 0,24

+

-

```

carlos@carlos-G551JW: ~/Documents/Repos/BMC-Proyecto1$ ./napas
Tamaño5
Entrada Archivo
examples/.cvs
0,240000
0

CURRENT CHAINS: 1
Chain 0 with 2 relations: ACTIVE
A -- B -- 0,240000
B -- ** -- 0,000000

END HERE

RESULT
Chains Used: 1

examples/caso 3 - 2.cvs
0,240000
0,160000
0

CURRENT CHAINS: 3
Chain 0 with 2 relations: INACTIVE
A -- B -- 0,240000
B -- ** -- 0,000000

Chain 1 with 3 relations: ACTIVE
A -- F -- 0,100000
F -- B -- 0,080000
B -- ** -- 0,000000

Chain 2 with 3 relations: ACTIVE
F -- A -- 0,160000
A -- B -- 0,240000
B -- ** -- 0,000000

END HERE

RESULT
Chains Used: 3

```

Mapas Cromosomicos

mapas

Ingrese las probabilidades de crossover respectivas entre cada gen

	A	B	C	D	F
A	-	0,24	-	-	0,16
B		-	-	-	-
C			-	-	-
D				-	-
F					-

Ingrese el nombre del archivo para guardar los datos

Obtener Solucion

+

-

```

carlos@carlos-G551JW: ~/Documents/Repos/BMC-Proyecto1$ ./napas
Tamaño5
Entrada Archivo
examples/.cvs
0,240000
0,160000
0

CURRENT CHAINS: 7
Chain 0 with 2 relations: INACTIVE
A -- B -- 0,240000
B -- ** -- 0,000000

Chain 1 with 3 relations: INACTIVE
A -- F -- 0,100000
F -- B -- 0,080000
B -- ** -- 0,000000

Chain 2 with 3 relations: INACTIVE
F -- A -- 0,160000
A -- B -- 0,240000
B -- ** -- 0,000000

Chain 3 with 4 relations: ACTIVE
A -- C -- 0,080000
C -- F -- 0,080000
F -- B -- 0,080000
B -- ** -- 0,000000

Chain 4 with 4 relations: ACTIVE
C -- A -- 0,160000
A -- F -- 0,080000
F -- B -- 0,080000
B -- ** -- 0,000000

Chain 5 with 4 relations: ACTIVE
F -- C -- 0,080000
C -- A -- 0,160000
A -- B -- 0,240000
B -- ** -- 0,000000

Chain 6 with 4 relations: ACTIVE
F -- C -- 0,080000
C -- A -- 0,160000
A -- B -- 0,240000
B -- ** -- 0,000000

END HERE

RESULT
Chains Used: 7

```

Mapas Cromosomicos

mapas

Ingrese las probabilidades de crossover respectivas entre cada gen

	A	B	C	D	F
A	-	0,24	0,08	-	0,16
B		-	-	-	-
C			-	-	-
D				-	-
F					-

Ingrese el nombre del archivo para guardar los datos

Obtener Solucion

```

os@carlos-G551JW: ~/Documents/Repos/BMC-Proyecto1
+ : 7
so 3 - 4.cvs

CURRENT CHAINS: 7
Chain 0 with 2 relations: INACTIVE
A -- B -- 0,240000
B -- ** -- 0,000000

Chain 1 with 3 relations: INACTIVE
A -- F -- 0,160000
F -- B -- 0,080000
B -- ** -- 0,000000

Chain 2 with 3 relations: INACTIVE
F -- A -- 0,160000
A -- B -- 0,240000
B -- ** -- 0,000000

Chain 3 with 4 relations: ACTIVE
A -- C -- 0,080000
C -- F -- 0,080000
F -- B -- 0,080000
B -- ** -- 0,000000

Chain 4 with 4 relations: ACTIVE
A -- A -- 0,080000
A -- F -- 0,160000
F -- B -- 0,080000
B -- ** -- 0,000000

Chain 5 with 4 relations: INACTIVE
F -- A -- 0,160000
A -- C -- 0,080000
C -- B -- 0,160000
B -- ** -- 0,000000

Chain 6 with 4 relations: INACTIVE
F -- C -- 0,080000
C -- A -- 0,080000
A -- B -- 0,240000
B -- ** -- 0,000000

END HERE

RESULT
Chains Used: 7

```

Mapas Cromosomicos

A	0,08	C	0,08	F	0,08	B
C	0,08	A	0,16	F	0,08	B

mapas

Ingrese las probabilidades de crossover respectivas entre cada gen

	A	B	C	D	F
A	-	0,24	0,08	-	0,16
B		-	-	-	0,08
C			-	-	-
D				-	-
F					-

Ingrese el nombre del archivo para guardar los datos

caso 3 - 4

Obtener Solucion

```

os@carlos-G551JW: ~/Documents/Repos/BMC-Proyecto1
+ : 7
so 3 - 4.cvs

Chain 4 relations: INACTIVE
A -- C -- 0,080000
C -- F -- 0,080000
F -- B -- 0,080000
B -- ** -- 0,000000

Chain 5 with 4 relations: INACTIVE
F -- A -- 0,160000
A -- C -- 0,080000
C -- B -- 0,160000
B -- ** -- 0,000000

Chain 6 with 4 relations: INACTIVE
F -- C -- 0,080000
C -- A -- 0,080000
A -- B -- 0,240000
B -- ** -- 0,000000

Chain 7 with 5 relations: ACTIVE
A -- C -- 0,080000
C -- F -- 0,080000
F -- D -- 0,060000
D -- B -- 0,060000
B -- ** -- 0,000000

Chain 8 with 5 relations: ACTIVE
A -- C -- 0,080000
C -- D -- 0,020000
D -- F -- 0,060000
F -- B -- 0,080000
B -- ** -- 0,000000

Chain 9 with 5 relations: ACTIVE
C -- A -- 0,080000
A -- F -- 0,160000
F -- D -- 0,060000
D -- B -- 0,020000
B -- ** -- 0,000000

Chain 10 with 5 relations: ACTIVE
C -- A -- 0,080000
A -- D -- 0,160000
D -- F -- 0,060000
F -- B -- 0,080000
B -- ** -- 0,000000

END HERE

RESULT
Chains Used: 11

```

Mapas Cromosomicos

A	0,08	C	0,08	F	0,06	D	0,06
A	0,08	C	0,08	F	0,08	B	
C	0,08	A	0,16	F	0,06	D	0,06
C	0,08	A	0,10	D	0,06	F	0,08

mapas

Ingrese las probabilidades de crossover respectivas entre cada gen

	A	B	C	D	F
A	-	0,24	0,08	-	0,16
B		-	-	-	0,08
C			-	-	-
D				-	0,06
F					-

Ingrese el nombre del archivo para guardar los datos

caso 3 - 5

Obtener Solucion

+

-

```

Chain 4 with 4 relations: INACTIVE
A -- C -- 0,080000
A -- D -- 0,160000
C -- B -- 0,080000
D -- ** -- 0,000000

Chain 5 with 4 relations: INACTIVE
F -- A -- 0,100000
A -- C -- 0,080000
C -- B -- 0,160000
B -- ** -- 0,000000

Chain 6 with 4 relations: INACTIVE
F -- C -- 0,080000
C -- A -- 0,080000
A -- B -- 0,240000
B -- ** -- 0,000000

Chain 7 with 5 relations: INACTIVE
A -- C -- 0,080000
C -- F -- 0,080000
F -- D -- 0,060000
D -- B -- 0,020000
B -- ** -- 0,000000

Chain 8 with 5 relations: ACTIVE
A -- C -- 0,080000
C -- D -- 0,020000
D -- F -- 0,060000
F -- B -- 0,080000
B -- ** -- 0,000000

Chain 9 with 5 relations: INACTIVE
C -- A -- 0,080000
A -- F -- 0,160000
F -- D -- 0,060000
D -- B -- 0,020000
B -- ** -- 0,000000

Chain 10 with 5 relations: INACTIVE
C -- A -- 0,080000
A -- D -- 0,160000
D -- F -- 0,060000
F -- B -- 0,080000
B -- ** -- 0,000000

END HERE

RESULT
Chains Used: 11

```

Mapas Cromosomicos

mapas

Ingrese las probabilidades de crossover respectivas entre cada gen

	A	B	C	D	F
A	-	0,24	0,08	-	0,16
B		-	-	-	0,08
C			-	0,02	-
D				-	0,06
F					-

Ingrese el nombre del archivo para guardar los datos

Obtener Solucion

3.4. Caso 4:

1. C - S - 0,11
2. W - S - 0,08
3. B - S - 0,06
4. B - C - 0,05
5. W - C - 0,03
6. W - B - 0,02

Si vamos agregando una por una las probabilidades en el orden dado previamente el programa da el siguiente resultado:

```

carlos@carlos-G5513W:~/Documents/Repos/BMC-Proyecto1$ ./mapas
Tamaño4
Entrada Archivo
examples/Caso 4 - 1.csv
0,110000
0
CURRENT CHAINS: 1
Chain 0 with 2 relations: ACTIVE
C -- S -- 0,110000
S -- ** -- 0,000000

END HERE

RESULT
Chains Used: 1

```

	B	C	S	W
B	-	-	-	-
C	-	-	0,11	-
S	-	-	-	-
W	-	-	-	-

Ingrese el nombre del archivo para guardar los datos
Caso 4-1

Obtener Solucion

```

carlos@carlos-G5513W:~/Documents/Repos/BMC-Proyecto1$ ./mapas
Tamaño4
Entrada Archivo
examples/Caso 4 - 2.csv
0,110000
0,080000
0
CURRENT CHAINS: 3
Chain 0 with 2 relations: INACTIVE
C -- S -- 0,110000
S -- ** -- 0,000000

Chain 1 with 3 relations: ACTIVE
C -- S -- 0,110000
S -- W -- 0,080000
W -- ** -- 0,000000

Chain 2 with 3 relations: ACTIVE
C -- W -- 0,030000
W -- S -- 0,080000
S -- ** -- 0,000000

END HERE

RESULT
Chains Used: 3

```

	B	C	S	W
B	-	-	-	-
C	-	-	0,11	-
S	-	-	-	0,08
W	-	-	-	-

Ingrese el nombre del archivo para guardar los datos
Caso 4-2

Obtener Solucion


```

RESULT
Chains Used: 3
examples/caso 4 - 3.csv
0,000000
0,110000
0,000000
0

CURRENT CHAINS: 7
Chain 0 with 2 relations: INACTIVE
C -- S -- 0,110000
S -- ** -- 0,000000

Chain 1 with 3 relations: INACTIVE
C -- S -- 0,110000
S -- W -- 0,000000
W -- ** -- 0,000000

Chain 2 with 3 relations: INACTIVE
C -- W -- 0,030000
W -- S -- 0,000000
S -- ** -- 0,000000

Chain 3 with 4 relations: ACTIVE
C -- S -- 0,110000
S -- B -- 0,000000
B -- W -- 0,020000
W -- ** -- 0,000000

Chain 4 with 4 relations: ACTIVE
C -- B -- 0,050000
B -- S -- 0,000000
S -- W -- 0,000000
W -- ** -- 0,000000

Chain 5 with 4 relations: ACTIVE
C -- W -- 0,030000
W -- S -- 0,000000
S -- B -- 0,000000
B -- ** -- 0,000000

Chain 6 with 4 relations: ACTIVE
C -- W -- 0,030000
W -- B -- 0,020000
B -- S -- 0,000000
S -- ** -- 0,000000

END HERE

RESULT
Chains Used: 7

```

Mapas Cromosomicos

mapas

Ingrese las probabilidades de crossover respectivas entre cada gen

	B	C	S	W
B	-	-	0,06	-
C		-	0,11	-
S			-	0,08
W				-

Ingrese el nombre del archivo para guardar los datos

Obtener Solucion

```

CURRENT CHAINS: 7
Chain 0 with 2 relations: INACTIVE
C -- S -- 0,110000
S -- ** -- 0,000000

Chain 1 with 3 relations: INACTIVE
C -- S -- 0,110000
S -- W -- 0,000000
W -- ** -- 0,000000

Chain 2 with 3 relations: INACTIVE
C -- W -- 0,030000
W -- S -- 0,000000
S -- ** -- 0,000000

Chain 3 with 4 relations: INACTIVE
C -- S -- 0,110000
S -- B -- 0,000000
B -- W -- 0,020000
W -- ** -- 0,000000

Chain 4 with 4 relations: ACTIVE
C -- B -- 0,050000
B -- S -- 0,000000
S -- W -- 0,000000
W -- ** -- 0,000000

Chain 5 with 4 relations: INACTIVE
C -- W -- 0,030000
W -- S -- 0,000000
S -- B -- 0,000000
B -- ** -- 0,000000

Chain 6 with 4 relations: ACTIVE
C -- W -- 0,030000
W -- B -- 0,020000
B -- S -- 0,000000
S -- ** -- 0,000000

END HERE

RESULT
Chains Used: 7

```

Mapas Cromosomicos

mapas

Ingrese las probabilidades de crossover respectivas entre cada gen

	B	C	S	W
B	-	0,05	0,06	-
C		-	0,11	-
S			-	0,08
W				-

Ingrese el nombre del archivo para guardar los datos

Obtener Solucion

```

CURRENT CHAINS: 7
Chain 0 with 2 relations: INACTIVE
C -- S -- 0,110000
S -- ** -- 0,000000

Chain 1 with 3 relations: INACTIVE
C -- S -- 0,110000
S -- W -- 0,080000
W -- ** -- 0,000000

Chain 2 with 3 relations: INACTIVE
C -- W -- 0,030000
W -- S -- 0,080000
S -- ** -- 0,000000

Chain 3 with 4 relations: INACTIVE
C -- S -- 0,110000
S -- B -- 0,060000
B -- W -- 0,020000
W -- ** -- 0,000000

Chain 4 with 4 relations: INACTIVE
C -- B -- 0,050000
B -- S -- 0,060000
S -- W -- 0,080000
W -- ** -- 0,000000

Chain 5 with 4 relations: INACTIVE
C -- W -- 0,030000
W -- S -- 0,080000
S -- B -- 0,060000
B -- ** -- 0,000000

Chain 6 with 4 relations: ACTIVE
C -- W -- 0,030000
W -- B -- 0,020000
B -- S -- 0,060000
S -- ** -- 0,000000

END HERE

RESULT
Chains Used: 7

```

Mapas Cromosomicos

C

0,0

W

0,0

B

0,06

S

mapas

Ingrese las probabilidades de crossover respectivas entre cada gen

	B	C	S	W
B	-	0,05	0,06	-
C		-	0,11	0,03
S			-	0,08
W				-

Ingrese el nombre del archivo para guardar los datos

Casos 4 - 5

Obtener Solucion

```

CURRENT CHAINS: 7
Chain 0 with 2 relations: INACTIVE
C -- S -- 0,110000
S -- ** -- 0,000000

Chain 1 with 3 relations: INACTIVE
C -- S -- 0,110000
S -- W -- 0,080000
W -- ** -- 0,000000

Chain 2 with 3 relations: INACTIVE
C -- W -- 0,030000
W -- S -- 0,080000
S -- ** -- 0,000000

Chain 3 with 4 relations: INACTIVE
C -- S -- 0,110000
S -- B -- 0,060000
B -- W -- 0,020000
W -- ** -- 0,000000

Chain 4 with 4 relations: INACTIVE
C -- B -- 0,050000
B -- S -- 0,060000
S -- W -- 0,080000
W -- ** -- 0,000000

Chain 5 with 4 relations: INACTIVE
C -- W -- 0,030000
W -- S -- 0,080000
S -- B -- 0,060000
B -- ** -- 0,000000

Chain 6 with 4 relations: ACTIVE
C -- W -- 0,030000
W -- B -- 0,020000
B -- S -- 0,060000
S -- ** -- 0,000000

END HERE

RESULT
Chains Used: 7

```

Mapas Cromosomicos

C

0,0

W

0,0

B

0,06

S

mapas

Ingrese las probabilidades de crossover respectivas entre cada gen

	B	C	S	W
B	-	0,05	0,06	0,02
C		-	0,11	0,03
S			-	0,08
W				-

Ingrese el nombre del archivo para guardar los datos

Casos 4 - 6

Obtener Solucion

4. Bibliografía

https://www.ecured.cu/Ligamiento_gen

<https://genmolecular.com/ligamiento/>

<https://isogg.org/wiki/CentiMorgan/en>

<https://books.google.co.cr/books?id=ALR9bgLtFhYC&printsec=frontcover&dq=gen>