



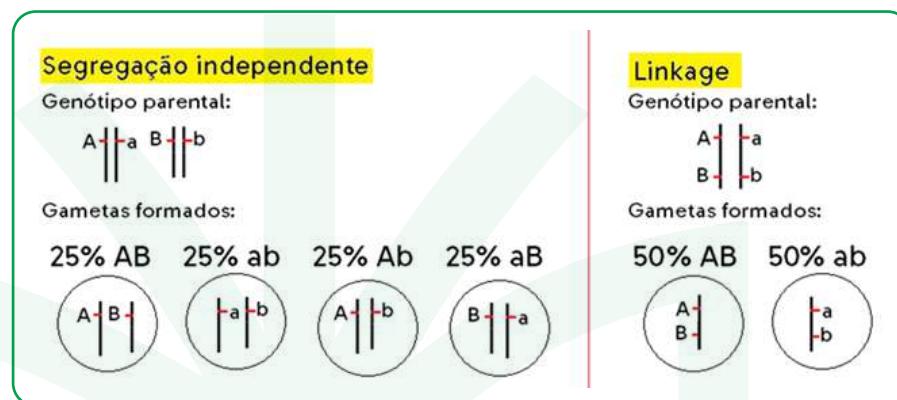
BIOLOGIA

com Arthur Jones

Ligaçāo gēnica

LIGAÇÃO GÊNICA

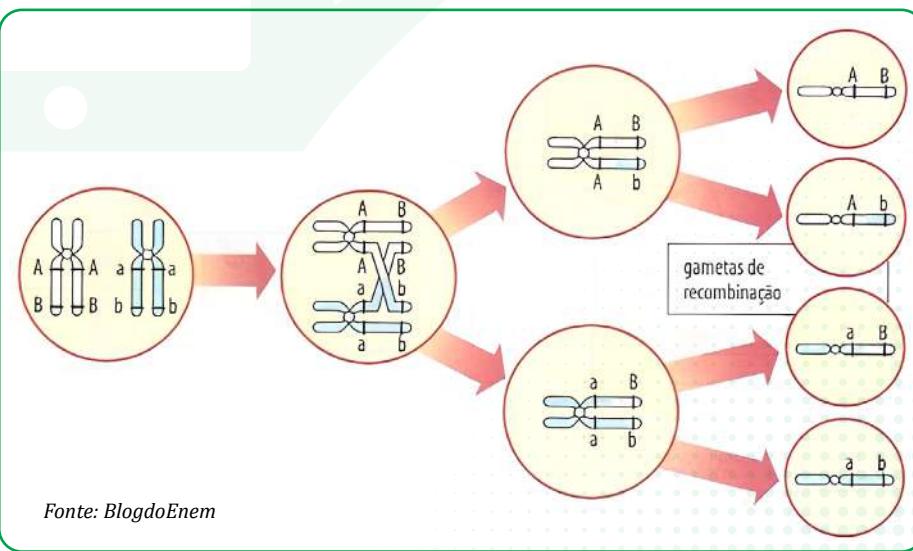
Quando os genes para características diferentes estão no mesmo cromossomo, a tal da segregação independente não acontece. Vamos dar uma olhada no esquema a seguir: os genes A e B, que correspondem a características diferentes, estão juntos no mesmo cromossomo, e os alelos a e b estão no cromossomo homólogo. Nesse caso, a gente diz que os genes "a" (A ou a) e "b" (B ou b) estão ligados, ou seja, estão em linkage. Por estarem ligados, esses genes "viajam" juntos quando os gametas estão sendo formados. Isso significa que A e B vão juntos para o mesmo gameta, resultando em gametas com a constituição AB. O mesmo acontece com a e b, formando gametas ab. Então, em vez de formar quatro tipos de gametas diferentes, como acontece na segregação independente, aqui o heterozigoto vai formar apenas dois tipos de gametas em proporções iguais (1/2 para AB e 1/2 para ab).



Fonte: Descomplicaexercícios

Mas, às vezes, mesmo quando os genes estão ligados no mesmo cromossomo, a gente pode acabar vendo quatro tipos de gametas. Isso pode rolar por causa do crossing-over, que é quando pedaços dos cromossomos homólogos trocam de lugar durante a meiose.

Vamos ver o segundo esquema: imagine uma célula AaBb (disbrida) que está passando por meiose com crossing-over. Só que nem todas as células que passam por meiose vão sofrer crossing-over; na verdade, isso acontece em uma pequena porcentagem das células. A maioria das gametas vai se formar sem crossing-over, resultando em AB e ab. Mas, por conta do crossing-over, a gente também pode ver uma porcentagem menor de gametas Ab e aB. Para você entender melhor, vamos imaginar uma situação hipotética. Suponha que temos um heterozigoto AaBb, com os genes A e B ligados no mesmo cromossomo, e os genes a e b também juntos no cromossomo homólogo. Agora, imagine que 100 células vão passar por meiose, formando assim 400 gametas. Dessas 100 células, em 70 delas não vai acontecer crossing-over, enquanto nas outras 30 o crossing-over acontece.



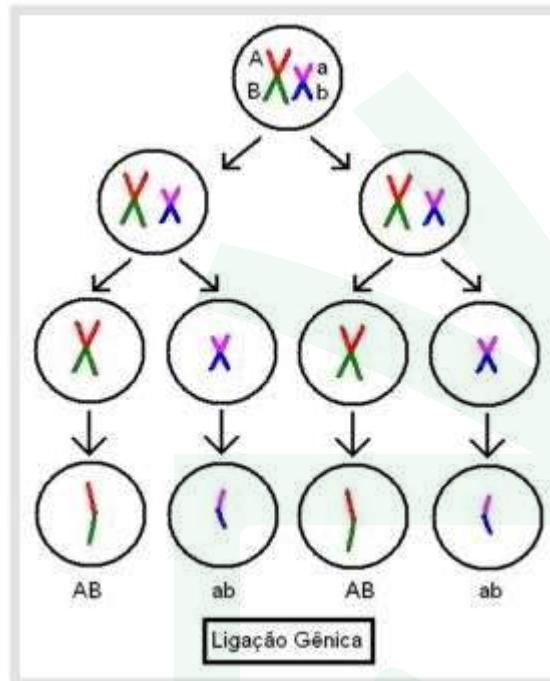
Fonte: BlogdoEnem

No final das contas, dos 400 gametas formados, 170 serão AB, 170 serão ab, 30 serão Ab e 30 serão aB. Mesmo que tenhamos quatro tipos de gametas formados, o resultado é bem diferente do que acontece na segregação independente, onde o heterozigoto AaBb formava os quatro tipos em proporções iguais (25% cada).

Os gametas com os cromossomos da célula original (AB e ab) são chamados parentais; os gametas com combinações cromossômicas novas são ditos recombinantes (Ab e aB).

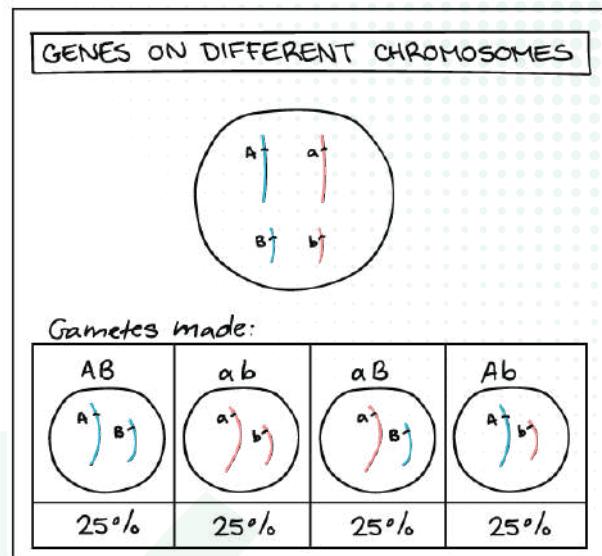
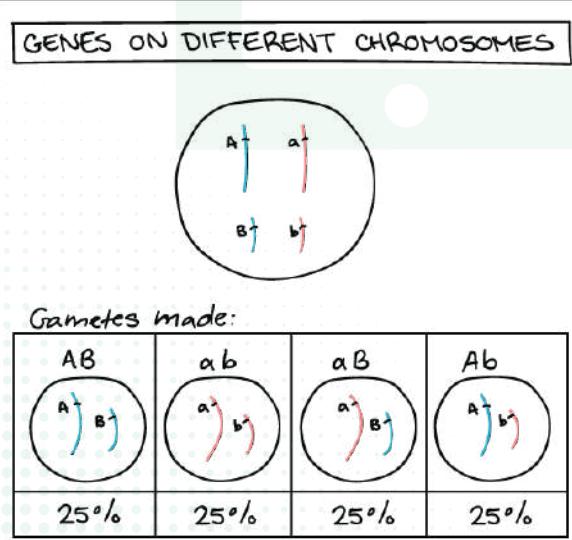
Observe a diferença nos tipos de proporções para os gametas com os genes não ligados e os genes ligados

Genes Ligados (Linkage Completo)



Fonte: geneticavirtual

Para conferirmos se os genes em questão foram para o mesmo pólo da célula durante a ANÁFASE I da meiose, é necessário realizar um retrocruzamento.



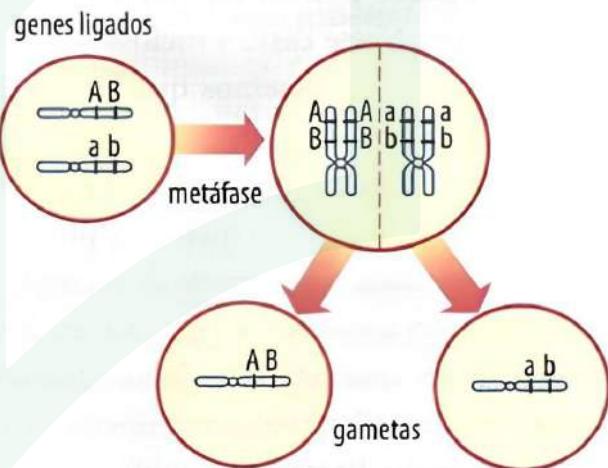
Fonte: Khanacademy

► EXEMPLO 1 (Com Linkage)

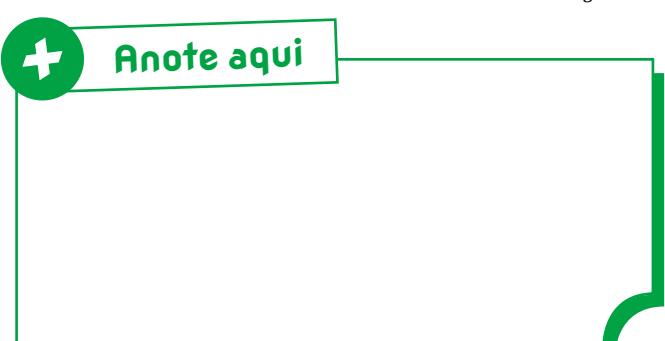
Retrocruzamento com genes ligados:

AaBb x aabb

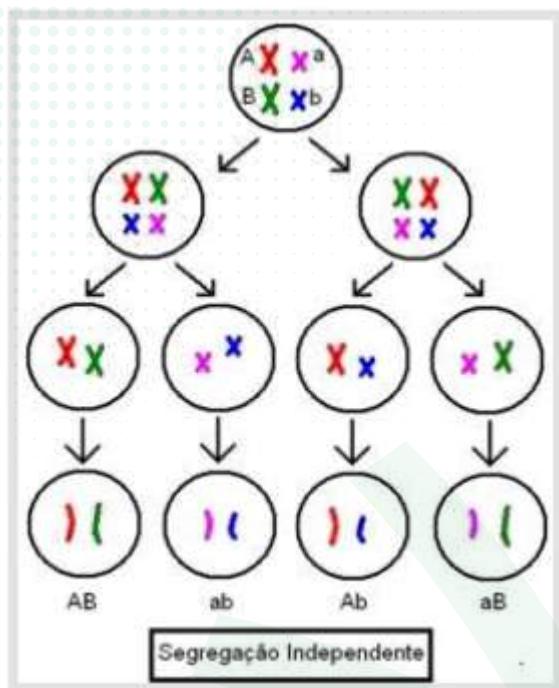
Gametas	AB	ab
Ab	AaBb	aabb



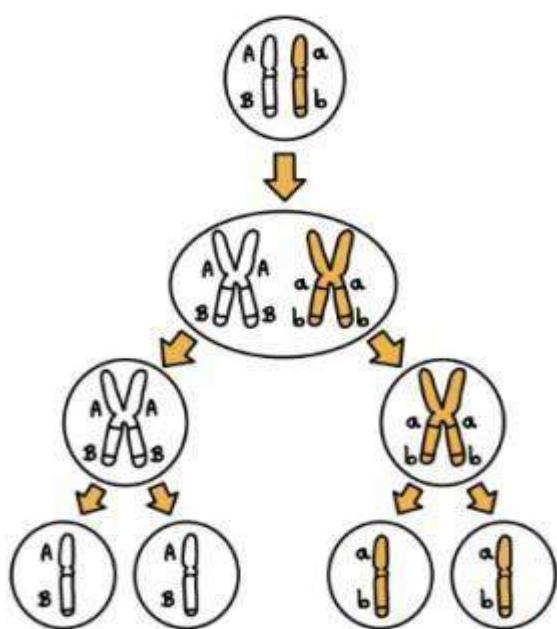
Fonte: Blogdoenem



Genes independentes (não ligados)



Fonte: <https://geneticavirtual.webnode.com.br/genetica-virtual-home/prefacio/liga%C3%A7%C3%A3o%20g%C3%A3o/>



Fonte: <https://resumos.mesalva.com/heranca-duas-mais-caracteristicas-mesmo-tempo/> (Adaptado)

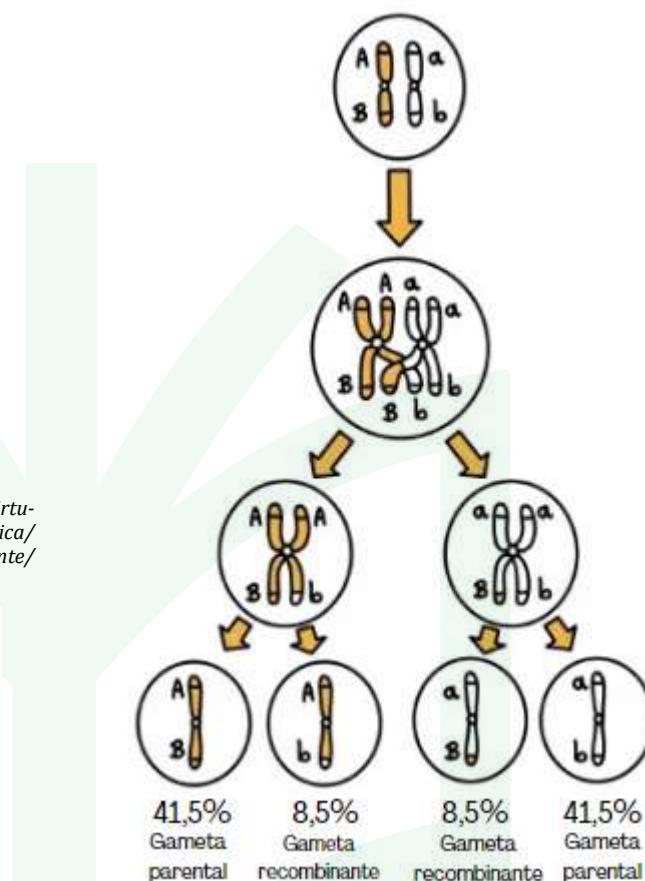
Aparecem duas formas, provando a formação de, apenas, dois tipos de gametas, não aparecendo as formas recombinantes Ab e aB. Logo os genes são ligados.

► EXEMPLO 2 (Sem Linkage)

Retrocruzamento com genes independentes:

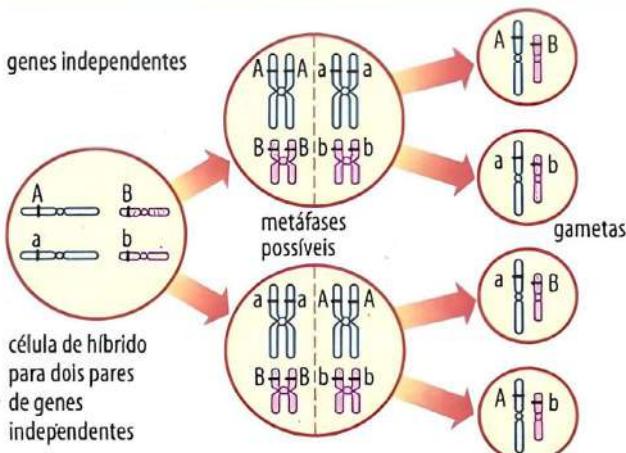
AaBb x aabb

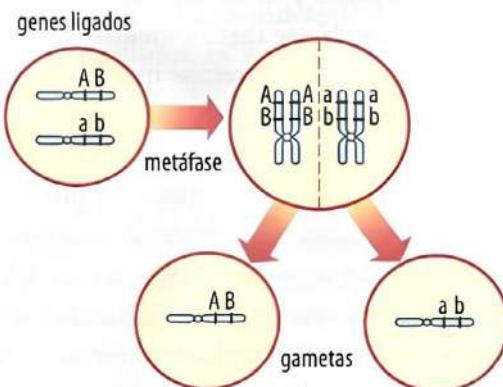
Gameta	AB	Ab	aB	Ab
ab	AaBb	Aabb	aaBb	Aabb



Fonte: <https://resumos.mesalva.com/heranca-duas-mais-caracteristicas-mesmo-tempo/> (Adaptado)

Compare:

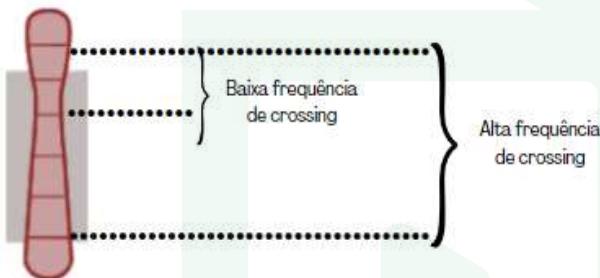




Se liga, mamífero

Quanto mais próximos os genes uns dos outros, maior a dificuldade de segregarem. Isso promove uma diminuição da taxa de crossing over entre esses genes.

Aparecem quatro formas diferentes, provando a produção de quatro gametas. Logo os genes são independentes



[Fonte: https://www.institutobernabeu.com/en/preimplantation-genetic-diagnosis/ \(Adaptado\)](https://www.institutobernabeu.com/en/preimplantation-genetic-diagnosis/)

Como distinguir a segregação independente da Ligação Gênica ou Linkage

Agora, com tudo que a gente discutiu até aqui, você pode perceber que os tipos de gametas produzidos por um diíbrido ($AaBb$) nos ajudam a deduzir onde os genes estão localizados. Eles podem estar no mesmo cromossomo, o que chamamos de linkage, ou em cromossomos diferentes, o que resulta na segregação independente.

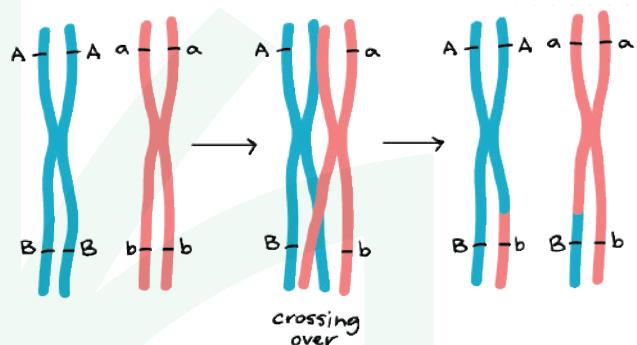
A partir disso, temos três situações-padrão que vamos explicar com exemplos:

- Vamos supor que um diíbrido $AaBb$ produza quatro tipos de gametas nas mesmas proporções: $1/4 AB, 1/4 Ab, 1/4 aB$ e $1/4 ab$. Isso indica que os genes A e a estão em um par de cromossomos homólogos, enquanto os genes B e b estão em

outro. Aqui, estamos lidando com a segregação independente, o que confirma a Segunda Lei de Mendel.

- Agora, imagine um diíbrido Cd que forma apenas dois tipos de gametas: $1/2 CD$ e $1/2 cd$. Isso mostra que os genes C e D estão no mesmo cromossomo e os genes c e d estão no homólogo. Esse é um caso de ligação gênica (linkage) total, sem crossing-over.
- Por fim, considere um diíbrido $EeFf$ que forma quatro tipos de gametas: EF (40%), Ef (10%), eF (10%) e ef (40%). Isso indica que os genes E e F estão ligados, assim como os alelos e e f. Depois da meiose, 20% dos gametas apresentam combinações diferentes das parentais, por conta do crossing-over.

Permutação ou crossing-over



[Fonte: https://pt.khanacademy.org/science/ap-biology/heredity/non-mendelian-genetics/a/linkage-mapping](https://pt.khanacademy.org/science/ap-biology/heredity/non-mendelian-genetics/a/linkage-mapping)

Quando dois genes estão situados no mesmo cromossomo, caminham juntos para o mesmo gameta, e este fato é chamado **ligação completa**. Porém, nem sempre isto acontece. Às vezes ocorre o crossing-over ou permuta gênica, onde fragmentos de cromátides homólogas são trocados durante a Prófase I da Meiose. Genes

situados abaixo ou acima do ponto de quebra das cromátides podem “desligar-se” por causa deste fenômeno. Neste caso, genes normalmente ligados podem ir para gametas diferentes, chamados **gametas de recombinação**, assim ocorre a **ligação incompleta** ou parcial.

É importante lembrar que as quebras e trocas de pedaços ocorrem ao acaso e em qualquer parte dos cromossomos homólogos. Quando a quebra ocorre acima ou abaixo do intervalo onde os genes em questão situam-se, não ocorre a recombinação e não se formam os gametas de recombinação.

Agora podemos entender porque um híbrido para dois pares de genes ligados, representados por $AB//ab$ ou AB/ab produz uma porcentagem de gametas parentais (AB ou ab) maior que as de gametas recombinantes (Ab ou aB), porque os gametas parentais formam-se havendo ou não permutação.

► Taxa de Crossing

É o nome dado à soma dos gametas de recombinação, e serve para indicar a distância entre os genes. Quanto mais distantes estiverem os genes, maior a *taxa de crossing* e vice-versa. É bom lembrar que a taxa de crossing máxima é de 50%, o que

corresponde a 100% das meioses com *crossing*. Por outro lado, quando dois genes estão muito próximos, não há *crossing* entre eles (taxa de *crossing* = zero).

► Cálculo da taxa de Crossing

- Identificar os indivíduos de recombinação, resultantes da fusão dos gametas permutados.
- Transformar a soma dos indivíduos de recombinação em taxa percentual.

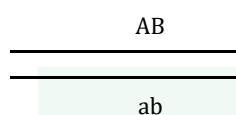
Se a taxa de *crossing* depende da distância entre os genes ligados, podemos afirmar que: se eles estão muito próximos a taxa é quase zero e, quanto maior a distância entre eles, maior será a possibilidade de formação de indivíduos recombinantes.

Por convenção, cada 1% de taxa de crossing corresponde a uma **unidade de recombinação** (1UR) ou um **morganídeo** (1M).

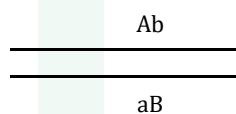
Com base nas diferentes taxas de crossing podemos estabelecer a posição dos genes nos cromossomos, o que é chamado de **mapa cromossômico ou genético**.

► Posição CIS e TRANS

Quando dois genes dominantes estão ligados em um cromossomo e seus alelos recessivos estão no par homólogo, ocorre o que chamamos de posição CIS.



Quando cada cromossomo homólogo apresenta um alelo dominante e outro recessivo, ocorre o que chamamos de forma TRANS.



Se liga, mamífero

Na posição CIS as classes de recombinação (heterozigotos) são sempre menos frequentes enquanto os homozigotos dominantes e recessivos aparecem em maior quantidade.

Na posição TRANS os homozigotos dominantes e recessivos formam as classes de recombinação aparecendo, portanto, em menor frequência, enquanto que os heterozigotos são mais frequentes.

MAPAS GÊNICOS

Já vimos que vários cruzamentos mostraram que existe linkage (ligação) entre muitos genes. Quando se utilizavam fêmeas da geração F1, observava-se que elas formavam uma certa

porcentagem de gametas recombinantes, que eram resultado do crossing-over. Por exemplo, na experiência que mencionamos antes, a porcentagem de gametas recombinantes (novos) foi de 5,2% (2,6% de gametas Ma e 2,6% de gametas mA). Essa porcentagem se mantém a mesma, independentemente do número de vezes que você repita o experimento. Agora, para outros pares de genes ligados, essa porcentagem de gametas recombinantes pode ser diferente. Isso varia dependendo dos genes que estão sendo estudados, mas é constante para o mesmo par de genes.

Mas de onde vem essa variação na frequência de gametas recombinantes?

Lembra que a recombinação acontece por causa do crossing-over? No crossing-over, há quebras e trocas de pedaços entre cromátides homólogas. Então, a frequência do crossing-over é o que determina quantos gametas recombinantes vão aparecer.

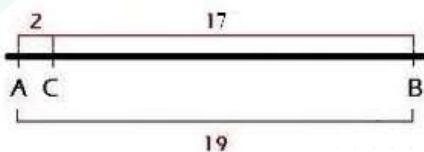
Para explicar por que há diferentes taxas de crossing-over entre dois genes, surgiu a seguinte hipótese: os genes estão dispostos linearmente ao longo do cromossomo, e o crossing-over pode ocorrer com a mesma probabilidade em qualquer ponto do cromossomo. Quanto mais distantes dois genes estiverem no cromossomo, maior será a porcentagem de crossing-over entre eles. Vamos imaginar um esquema: os loci (locais) dos genes A e B estão bem mais próximos entre si do que os loci dos genes A e C. Por isso, a frequência de crossing-over entre A e B será menor do que entre A e C.

Os geneticistas usam essa porcentagem de recombinação entre dois genes como uma medida da distância relativa entre eles. E convencionou-se que 1% de recombinação (ou seja, 1% de gametas recombinantes) equivale a uma unidade (ou morganídeo) no mapa genético.

Vamos dar um exemplo:

- Porcentagem de recombinação entre genes A e B: 19%
- Porcentagem de recombinação entre A e C: 2%
- Porcentagem de recombinação entre B e C: 17%

A distância entre A e B será de 19 morganídeos; A e C, de 2 morganídeos e B e C, de 17 morganídeos:



Fonte: brasilescola

Anote aqui



Se liga, mamífero

Passos para Construir nosso Mapa Genético:

1. Cruzamentos para Obter Frequências de Recombinação:

Primeiro, realizamos cruzamentos entre indivíduos para observar a frequência de recombinação entre os genes A, B e C.

Suponha que os resultados dos cruzamentos sejam os seguintes:

- Frequência de recombinação entre A e B: 10%
- Frequência de recombinação entre A e C: 7%
- Frequência de recombinação entre B e C: 3%

2. Interpretação das Frequências:

As porcentagens indicam a probabilidade de recombinação entre dois genes. Cada 1% de recombinação é equivalente a 1 unidade de mapa (u.m.), também chamada de centiMorgan (cM).

As frequências mais baixas indicam que os genes estão mais próximos no cromossomo.

3. Organização dos Genes no Mapa:

Começamos colocando os genes A e B no mapa, já que têm a maior distância (10 u.m.). Colocamos o gene C em relação a A e B, conforme a distância indicada pelas outras frequências de recombinação.

1. Construção do Mapa:

Colocamos os genes em uma linha e marcamos as distâncias entre eles.

TEORIA CROMOSSÔMICA DA HERANÇA

Especialmente com a observação da meiose, os cientistas perceberam que ocorria uma redução no número de cromossomos durante a formação de gametas e esporos. Quando as leis de Mendel foram redescobertas, ficou claro que um dos seus postulados era justamente a redução dos fatores nos gametas ou esporos. Assim, muitos biólogos perceberam que o comportamento dos cromossomos na meiose era parecido com o comportamento dos "fatores" de Mendel (o que hoje chamamos de genes). Isso sugeriu que os genes estavam localizados nos cromossomos. Essa ideia foi proposta em 1902 por dois biólogos, Sutton e Boveri.

Mais tarde, um geneticista americano chamado Morgan, junto com seu grupo de pesquisa, desenvolveu vários estudos a partir de 1910 que reforçaram e confirmaram essas ideias, dando origem à Teoria Cromossômica da Herança. A maior parte dos experimentos foi feita usando a *Drosophila melanogaster*, conhecida como mosca-do-vinagre ou mosca-das-frutas. Essas mosquinhos são super fáceis de criar no laboratório; o ciclo de vida delas dura menos de duas semanas a 24°C. E elas têm uma

fecundidade tão alta que um único casal pode produzir centenas de descendentes. Nesses descendentes, são comuns as variações hereditárias causadas por mutações, e o grupo de Morgan estudou várias dessas variações. Além disso, as larvas de drosófilas, assim como de muitos outros insetos dipteríos, têm em certos tecidos cromossomos gigantes (chamados politênicos), que foram estudados em detalhe.



Fonte: Universoracionalista

O Método de Morgan:

Morgan, depois de isolar um grande número de mutantes, começou a testar, através de cruzamentos, se essas características seguiam a Segunda Lei de Mendel. Ou seja, ele estudava duas características ao mesmo tempo, assim como Mendel fazia.

Mas, ao contrário de Mendel, Morgan usava uma técnica um pouco diferente. Na geração parental (P), ele cruzava uma mosca não mutante (que também é chamada de "selvagem") com uma mosca que apresentava a mutação, e obtinha os descendentes da F1. Até aí, o método era igual ao de Mendel. A diferença é que Morgan, depois disso, fazia um cruzamento-teste entre os indivíduos da F1 e um duplo-recessivo. Você lembra que o cruzamento-teste permite ver diretamente os tipos de gametas que o heterozigoto produz e também medir a porcentagem em que eles aparecem, né? Assim, Morgan verificava se as duas características que ele estava estudando seguiam ou não a lei da segregação independente.

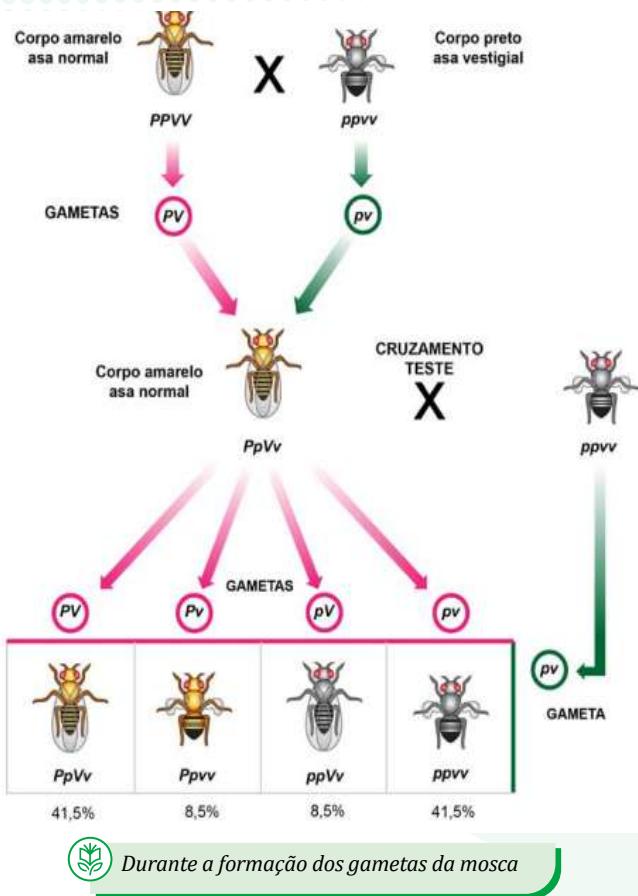
Um dos experimentos de Morgan:

Em um dos seus experimentos, Morgan cruzou uma mosca mutante de olho marrom e asa arqueada com uma mosca do tipo selvagem (olho vermelho e asa reta). O que ele obteve na F1 foram 100% de indivíduos com olho vermelho e asa reta (ou seja, todos eram selvagens). Isso indicou que os genes para asa reta e olho vermelho eram dominantes.

Na segunda etapa, Morgan cruzou um macho da F1 com uma fêmea duplo-recessiva (fazendo o tal cruzamento-teste) e o resultado foi 50% de descendentes com olho vermelho e asa reta, e 50% com olho marrom e asa arqueada.



Anote aqui



Fonte: https://midia.atp.usp.br/impressos/redefor/EnsinoBiologia/GenBioMol_2011_2012/GenBioMol_v2_03.pdf

POLIGENIA/HERANÇA QUANTITATIVA/ HERANÇA ADITIVA/ HERANÇA MULTIFATORIAL

Os caracteres que discutimos até agora variaram de maneira qualitativa, com mudanças bruscas entre os fenótipos, como ervilhas amarelas e verdes, ou cristas de galinha “ervilha”, “rosa”, “simples” e “noz”. Nesse tipo de variação, os fenótipos são bem delimitados e não há transições suaves entre eles. No entanto, muitos caracteres variam de maneira quantitativa. Diferente da herança mendeliana simples, onde um único gene com dois alelos define uma característica (como a cor da flor em ervilhas), na herança quantitativa, **várias combinações de genes influenciam o fenótipo**. Isso resulta em uma característica que pode variar de forma contínua, como altura, peso, ou, neste caso, a cor da semente do trigo.

Exemplos incluem a cor da pele, a produção de leite e carne no gado, e o tamanho de frutos. Para esses caracteres, há uma gama de fenótipos intermediários que variam de forma contínua, em vez de haver saltos bruscos entre diferentes categorias.

Inicialmente, houve uma dificuldade em explicar esses padrões de variação contínua usando as leis de Mendel. Por exemplo, um casamento entre um homem branco e uma mulher negra pode

resultar em filhos com tons intermediários de pele, como os mulatos. Isso parecia contradizer a ideia mendeliana de que os fatores hereditários se mantêm distintos e não se misturam.

No entanto, em torno de 1910, geneticistas começaram a desvendar esses mecanismos. O geneticista sueco Nilsson-Ehle foi pioneiro na compreensão da herança quantitativa. Ele estudou a cor das sementes de trigo e propôs que características de variabilidade contínua são resultado da ação conjunta de vários genes, chamados de poligenes. Cada gene teria um efeito pequeno e aditivo sobre o fenótipo, e o resultado seria a soma dos efeitos desses genes.

Aqui estão alguns pontos chave sobre a herança quantitativa:

- **Ação Aditiva:** Cada gene contribui de forma aditiva para o fenótipo. Não há dominância entre os alelos de um par de genes.
- **Exemplo de Genótipos:** Suponha que quatro pares de genes (A, B, C e D) influenciam um caráter. Um indivíduo com genótipo AABBCCDD terá a expressão máxima do caráter, enquanto um com genótipo aabbccdd terá a expressão mínima. Genótipos intermediários, como AaBbCcDd, terão uma expressão média do caráter.

Herança Quantitativa e Número de Fenótipos:

Em herança quantitativa, o número de fenótipos pode ser calculado de maneira bastante direta. A fórmula básica é:

- **Número de fenótipos = Número de genes + 1**

Isso ocorre porque cada par de genes adicionais adiciona mais possibilidades intermediárias ao fenótipo. Vamos aplicar isso a alguns exemplos:

1. Flor de Mirabilis:

- Número de genes = 2 (um par, V e B).
- Número de fenótipos = 2 genes + 1 = 3 fenótipos (vermelho, rosa e branco).

2. Cor da Pele em Humanos:

- Número de genes = 4.
- Número de fenótipos = 4 genes + 1 = 5 fenótipos (negro, mulato escuro, mulato médio, mulato claro, e branco).

3. Se houver 6 genes envolvidos:

- Número de fenótipos = 6 genes + 1 = 7 fenótipos.

Se você conhece o número total de fenótipos, pode calcular o número de genes envolvidos usando:

$$\text{Número de genes} = \text{Número de fenótipos} - 1$$

Anote aqui



Se liga, mamífero

Podemos calcular o número de genes em jogo num caso de polimeria usando a fórmula $1/4n$ (onde n é o número de pares de genes envolvidos), que deve ser usada na proporção de indivíduos parentais.

Exemplo prático:

Em F2 a proporção de parentais é $1/16 = 1/4^2$, logo, 2 é o número de pares de genes envolvidos. O número de fenótipos em F2 é dado pela fórmula $NF = n + 1$, assim se tivermos 4 pares de genes, teremos $n + 1 = 5$ fenótipos.

HERANÇA DA COR DA SEMENTE DO TRIGO

A cor da semente do trigo é um exemplo clássico de herança quantitativa, também conhecida como **herança poligênica**. Esse tipo de herança envolve a interação de múltiplos genes, onde cada gene contribui de forma acumulativa para a expressão de uma característica.

No trigo, a cor da semente é determinada pela ação combinada de vários genes, cada um contribuindo para a intensidade da cor. Um exemplo simplificado usa dois loci gênicos, cada um com dois alelos:

- A e a em um locus
- B e b em outro locus
- **Alelos dominantes (A e B)**: Contribuem para a pigmentação, aumentando a intensidade da cor.
- **Alelos recessivos (a e b)**: Não contribuem para a pigmentação, resultando em uma cor mais clara.

Como Funciona a Herança Quantitativa?

- Se uma planta de trigo tem a combinação de alelos AABB, a semente será de cor mais escura.
- Uma planta com aabb terá sementes de cor clara.
- Outras combinações como AaBb, AAbb, aaBB, etc., produzirão uma gama de cores intermediárias, dependendo da quantidade de alelos dominantes presentes.

Quando cruzamos duas plantas heterozigotas para ambos os loci ($AaBb \times AaBb$), a descendência pode apresentar uma variedade de cores de semente. As proporções fenotípicas formam uma curva normal de distribuição, com mais indivíduos tendo cores intermediárias e menos indivíduos apresentando cores extremas.



Anote aqui

Exemplo de Proporção Genotípica:

Se considerarmos dois loci, A e B, a distribuição dos genótipos poderia ser como esta:

F2

		AaBb			
	AB	Ab	aB	ab	
AB	Vermelho Escuro AABB	Vermelho Médio AABb	Vermelho Médio AaBB	Vermelho AaBb	
Ab	Vermelho Médio AABb	Vermelho AAbb	Vermelho AaBb	Vermelho Claro Aabb	
aB	Vermelho Médio aaBB	Vermelho AaBb	Vermelho aaBb	Vermelho Claro aaBb	
ab	Vermelho AaBb	Vermelho Claro Aabb	Vermelho Claro aaBb	Branco aabb	

Fonte: Melhorbiologia

- **1 AABB**: cor mais escura
- **4 AABb, AaBB**: ligeiramente mais clara
- **6 AaBb**: intermediária
- **4 Aabb, aaBb**: mais clara
- **1 aabb**: cor mais clara

Essa distribuição demonstra como a herança quantitativa gera uma diversidade fenotípica que não é apenas uma questão de "tudo ou nada", mas sim uma graduação de características.

HERANÇA DA COR DA PELE HUMANA

A cor da pele humana é um exemplo clássico de herança quantitativa, ou herança poligênica. Isso significa que essa característica é determinada pela interação de vários genes, cada um contribuindo de forma cumulativa para a cor final da pele.

A cor da pele é influenciada por múltiplos genes, cada um com dois alelos. Em geral, os alelos podem ser classificados como:

- Alelo dominante (A): Contribui para a produção de mais melanina, o pigmento que escurece a pele.
- Alelo recessivo (a): Contribui para a produção de menos melanina, resultando em uma pele mais clara.

Vamos considerar um modelo simplificado com três pares de genes: A, B e C. Cada par de genes tem um alelo que promove a produção de melanina e um alelo que não promove:

- **AA, BB, CC**: Produzem muita melanina, resultando em uma pele mais escura.
- **Aa, Bb, Cc**: Produzem uma quantidade intermediária de melanina, resultando em um tom de pele intermediário.
- **aa, bb, cc**: Produzem pouca melanina, resultando em uma pele mais clara.



Fonte: Descomplica

De acordo com essa abordagem, haveria cinco classes fenotípicas, determinadas pelos seguintes genótipos:

1. **AABB** - Cor mais escura (máxima pigmentação).
2. **AABb** - Cor escura.
3. **AaBB** - Cor escura.
4. **AaBb** - Cor intermediária.
5. **aabb** - Cor mais clara (mínima pigmentação).

Genótipos	Fenótipos
AABB	Negro
AaBB ou AABb	Mulato escuro
AaBb ou aaBB ou AAbb	Mulato médio
Aabb ou aaBb	Mulato claro
Aabb	Branco

Fonte: Infoescola.com

Essas cinco classes representam a variação contínua da cor da pele, explicando a graduação entre os fenótipos extremos. A ideia central aqui é que a intensidade de um fenótipo em características quantitativas é determinada pela quantidade e pela interação de múltiplos genes, e não por um único gene ou por relações de dominância simples. Vamos explorar como isso se aplica a diferentes exemplos e como calcular o número de fenótipos em herança quantitativa.

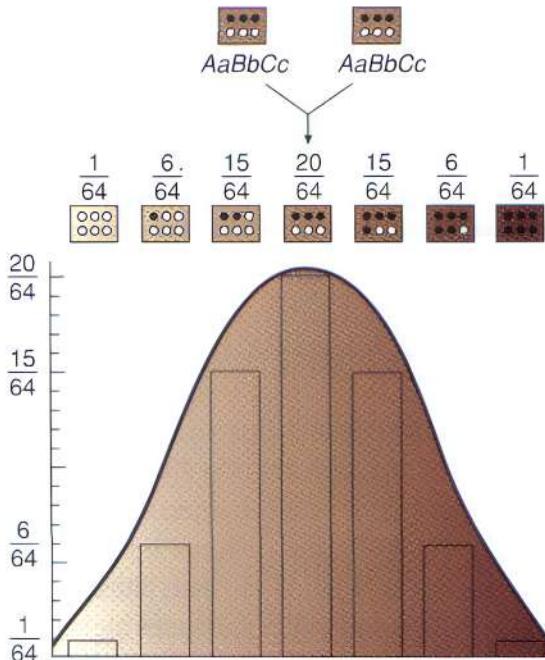
Distribuição Fenotípica:

Quando dois indivíduos com genótipos intermediários ($AaBbCc$) se reproduzem, a descendência pode ter qualquer combinação dos alelos, resultando em uma grande variedade de tons de pele. As combinações possíveis formam uma distribuição que se assemelha a uma curva normal, com mais pessoas tendo tons intermediários de pele e menos pessoas nas extremidades mais claras ou mais escuras.

Exemplo de Combinações Genéticas:

Se considerarmos os três loci (A, B e C), o cruzamento entre dois indivíduos $AaBbCc$ poderia resultar em:

- **1/64** com o genótipo $AABBCC$ (pele muito escura)
- **6/64** com combinações como $AABCc$, $AABbCC$, etc. (pele escura)
- **15/64** com genótipos intermediários como $AaBbCc$ (tons intermediários)
- **20/64** com várias combinações heterozigóticas ou homozigóticas recessivas
- **6/64** com genótipos como $aabbCc$, $aaBbCc$, etc. (pele clara)
- **1/64** com o genótipo $aabbcc$ (pele muito clara)



Fonte: AmabiseMartho

Representação esquemática da herança poligênica da cor da pele humana baseada em um modelo de três genes cada um deles com dois alelos, um determinante da presença de muita melanina (letra maiúscula) e outro, de pouca melanina (letra minúscula), nas células epidérmicas.

+
Anote aqui



Estamos juntos nessa!



TODOS OS DIREITOS RESERVADOS.