



LINKAGE सहलग्नता

Presentation by

Dr. Girima Nagda

(Assistant Professor)

**Department of Zoology, University College of Science,
Mohanlal Sukhadia University, Udaipur (Raj.)**

Introduction to Linkage

- “Tendency of genes to remain together in their original combination during inheritance is called linkage”
- The phenomenon of linkage was firstly reported by Bateson and Punnett in 1906.
- T H Morgan put forth the theory of linkage and concluded that coupling and repulsion were two phases of single phenomenon, linkage.

सहलग्नता का परिचय

" वंशानुक्रम के दौरान अपने मूल संयोजन में एक साथ रहने के लिए जीन की प्रवृत्ति को सहलग्नता कहा जाता है"

- सहलग्नता की घटना सबसे पहले 1906 में बेटसन और पुनेट द्वारा बताई गई थी।
- टी एच मोर्गन ने सहलग्नता के सिद्धांत को सामने रखा और निष्कर्ष निकाला कि युग्मन और प्रतिकर्षण एकल घटना, सहलग्नता के दो चरण थे।

Chromosomal theory of inheritance

- Sutton and Boveri proposed the chromosomal theory of inheritance.
- According to chromosome theory of inheritance, it is well established that many genes are located in each chromosome in a linear fashion.
- And all genes located in same chromosome would move to same pole during cell division.
- As a consequence, such genes will fail to show independent segregation and would tend to be inherited together.

वंशानुक्रम का गुणसूत्र सिद्धांत

- सटन और बोवरी ने वंशानुक्रम के गुणसूत्र सिद्धांत का प्रस्ताव रखा।
- वंशानुक्रम के गुणसूत्र सिद्धांत के अनुसार, यह अच्छी तरह से स्थापित है कि कई जीन एक रैखिक फैशन में प्रत्येक गुणसूत्र में स्थित हैं।
- और एक ही गुणसूत्र में स्थित सभी जीन कोशिका विभाजन के दौरान एक ही ध्रुव में चले जाएंगे।
- परिणामस्वरूप, ऐसे जीन स्वतंत्र अलगाव दिखाने में विफल होंगे और एक साथ वंशानुक्रम में मिलेंगे।

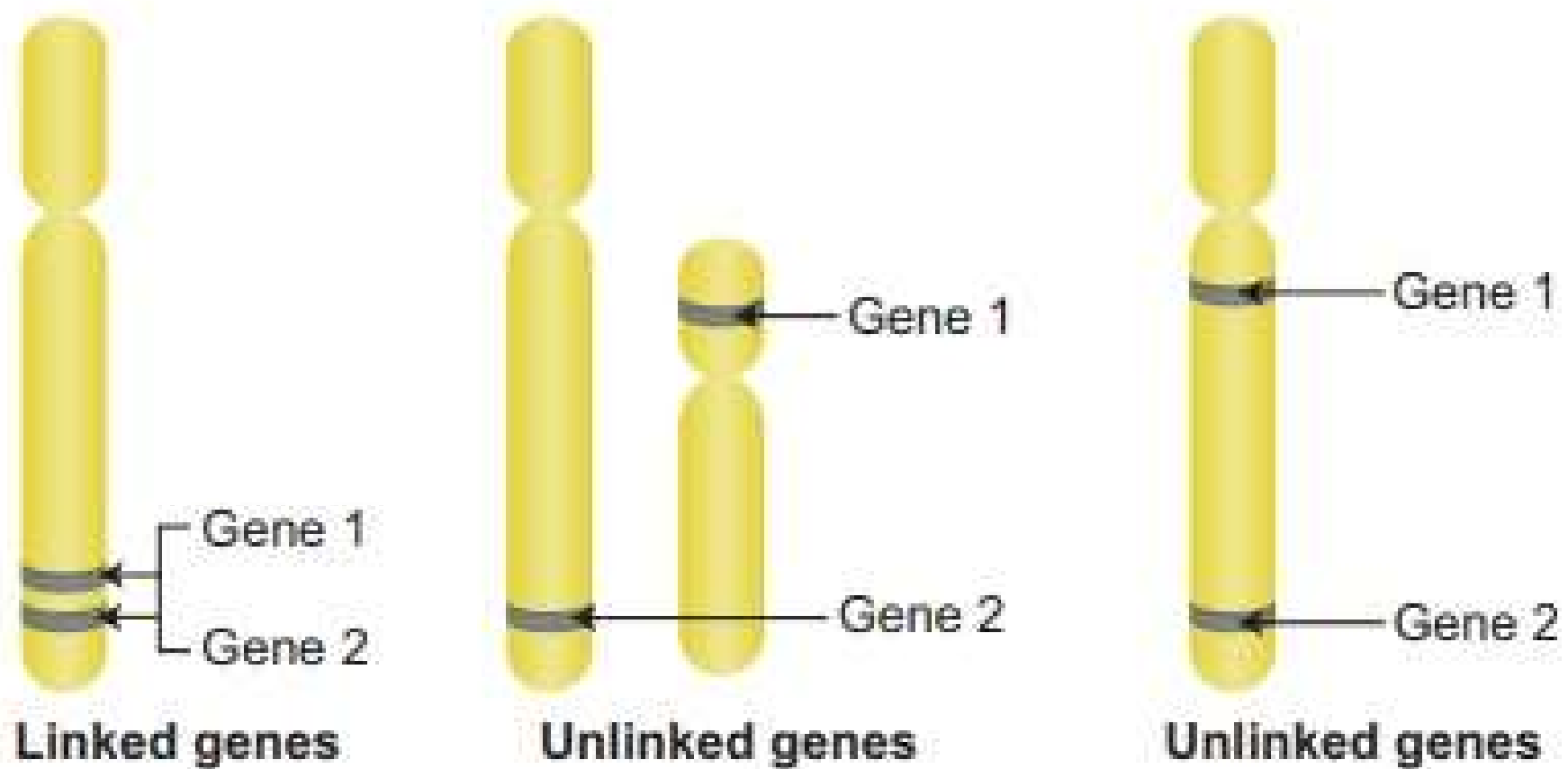


Figure 3.3: Arrangement of linked and unlinked genes on chromosome

meiosis

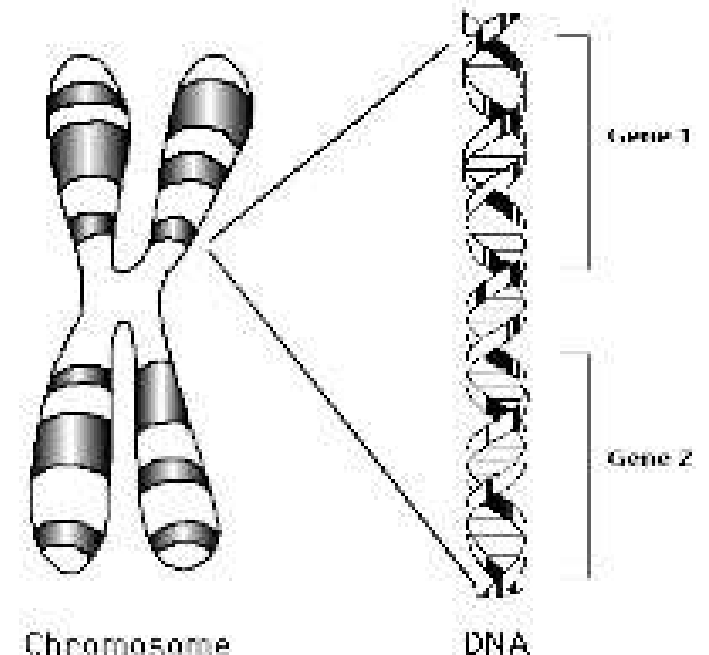
- Meiosis I and meiosis II
- Meiosis I
- Prophase I
 - Leptotene
 - Zygotene
 - Pachytene: crossing over (exchange of genetic material)
 - Diplotene
 - Diakinesis
- Metaphase I
- Anaphase I
- Telophase I

Why genetic linkage ???

“Because in organisms genes are far more in number than the chromosomes, which implies that each chromosome contains many loci.”

example: humans

<u>Genome size</u>	3,234.83 Mb (Mega-basepairs) per haploid genome 6,469.66 Mb total (diploid).
No. of genes	19000-20000 genes are present
Number of <u>chromosomes</u>	23 pairs (46 chromosomes)



Types of Linkage

- Linkage is generally classified on the basis of three criteria

(i) Crossing over

(ii) Genes involved

(iii) Chromosomes involved

सहलग्नता के प्रकार

- सहलग्नता को आमतौर पर तीन मानदंडों के आधार पर वर्गीकृत किया जाता है

i. क्रॉसिंग ओवर के आधार पर

ii. जीन शामिल के आधार पर

iii. गुणसूत्र शामिल के आधार पर

Types of Linkage:

Based on Crossing over

Linkage may be classified into

a) complete and (b) incomplete / partial linkage

❖ **Complete linkage:** It is known in case of males of *Drosophila* and females of silkworms, where there is complete absence of recombinant types due to absence of crossing over.

❖ **Incomplete / partial linkage:** If some frequency of crossing over also occurs between the linked genes, it is known as incomplete / partial linkage. Incomplete linkage has been observed in maize, pea, *Drosophila* female and several other organisms

सहलग्नता के प्रकार:

क्रॉसिंग ओवर के आधार पर

सहलग्नता में वर्गीकृत किया जा सकता है

पूर्ण और अपूर्ण / आंशिक सहलग्नता

❖ **पूर्ण सहलग्नता :** यह ड्रोसोफिला के पुरुषों और रेशम के कीड़ों की महिलाओं के मामले में जाना जाता है, जहां पार करने की अनुपस्थिति के कारण पुनः संयोजक प्रकार की पूर्ण अनुपस्थिति है।

❖ **अपूर्ण / आंशिक सहलग्नता :** यदि क्रॉसिंग की कुछ आवृत्ति लिंक किए गए जीन के बीच भी होती है, तो इसे अपूर्ण / उच्च सहलग्नता के रूप में जाना जाता है। मक्का, मटर, ड्रोसोफिला मादा और कई अन्य जीवों में अधूरा संबंध देखा गया है

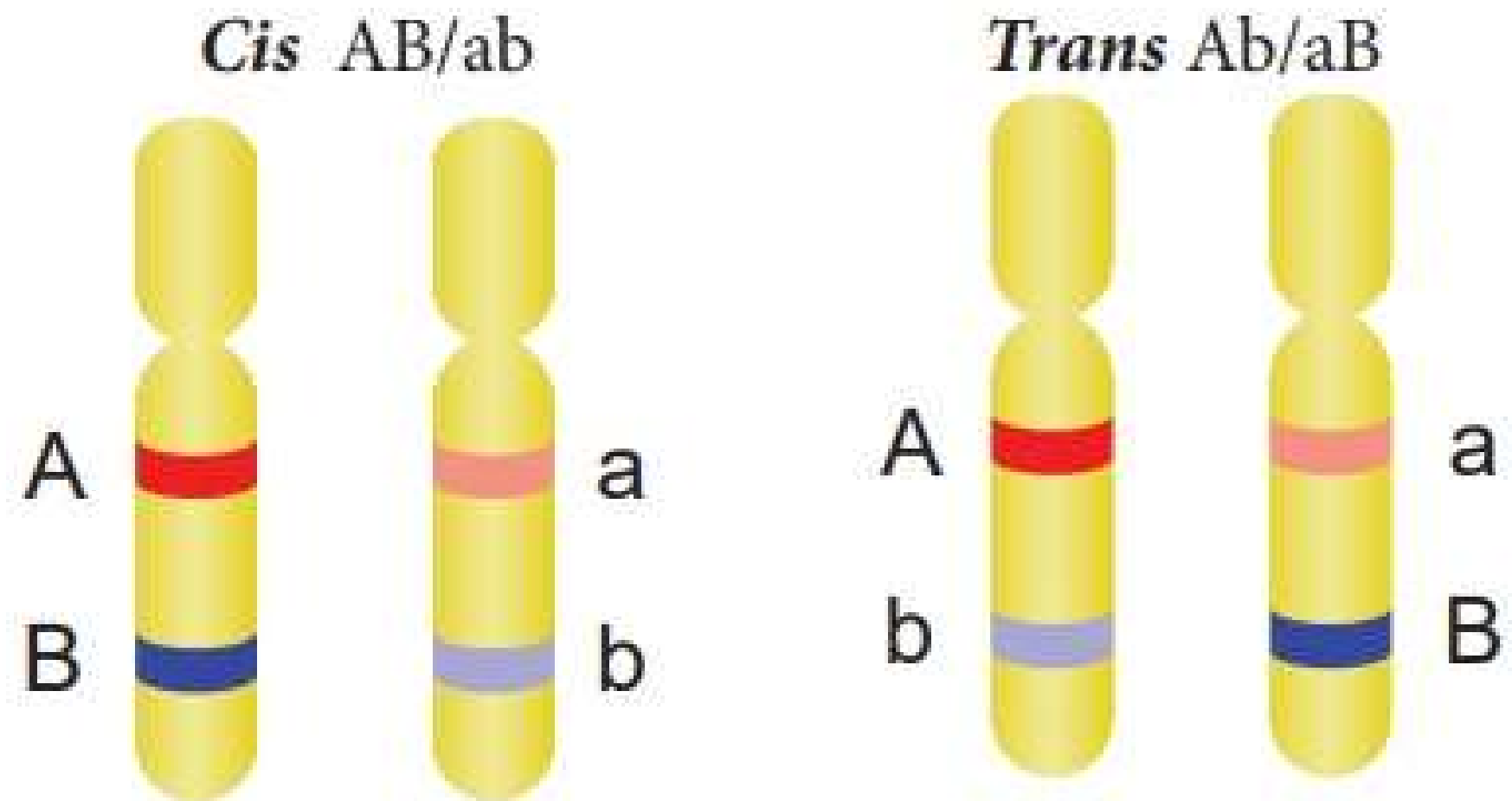


Figure 3.4: *Cis-Trans* arrangement of genes

Based on genes involved : Depending on whether all dominant or some dominant and some recessive alleles are linked together, linkage can be categorized into

- ❖ **Coupling phase:** Dominant alleles present on the same chromosome and recessive alleles present on same chromosome shows coupling phase
- ❖ **Repulsion phase:** Dominant alleles of some genes are linked with recessive alleles of other genes on same chromosome shows repulsion phase

इसमें शामिल जीनों के आधार पर:

यह निर्भर करता है कि सभी प्रमुख या कुछ प्रमुख और कुछ अप्रभावी एलील एक साथ जुड़े हुए हैं, सहलग्नता में वर्गीकृत किया जा सकता है

- ❖ **युग्मन चरण:** एक ही गुणसूत्र पर मौजूद प्रभावी युग्मनज और अप्रभावी युग्मनज मौजूद आवेशपूर्ण युग्मन युग्मन चरण को प्रदर्शित करते हैं।
- ❖ **प्रतिकर्षण चरण:** कुछ जीनों के प्रभावी युग्मनज को एक ही गुणसूत्र पर अन्य जीनों के आवर्ती युग्मकों प्रतिकर्षण के साथ जोड़ा जाता है

Based on chromosomes involved

Based on the location of genes on the chromosomes, linkage is categorized into

- ❖ **Autosomal linkage:** It refers to linkage of those genes which are located in autosomes (other than sex chromosomes).
- ❖ **Allosomal linkage / sex linkage:** It refers to linkage of genes which are located in sex chromosomes i.e. either 'X' or 'Y' (generally 'X')

शामिल गुणसूत्रों के आधार पर

गुणसूत्रों पर जीन के स्थान के आधार पर, सहलग्नता को श्रेणीबद्ध किया जाता है

- ❖ ऑटोसोमल सहलग्नता : यह उन जीन के सहलग्नता को संदर्भित करता है जो ऑटोसोम (सेक्स क्रोमोसोम के अलावा) में स्थित हैं।
- ❖ एलोसोमल सहलग्नता / सेक्स सहलग्नता : यह उन जीन के सहलग्नता को संदर्भित करता है जो सेक्स क्रोमोसोम में स्थित होते हैं यानी 'X' या 'Y' (आम तौर पर 'X')

Characteristics of Linkage

- i. Linkage involves two or more genes which are located in same chromosome in a linear fashion.
- ii. Linkage reduces variability.
- iii. Linkage may involve either dominant or recessive alleles (coupling phase) or some dominant and some recessive alleles (repulsion phase).
- iv. Linkage usually involves those genes which are located close to each other.
- v. The strength of linkage depends on the distance between the linked genes. Lesser the distance, higher the strength and vice versa.
- vi. Linkage can be determined from test cross progeny data.

सहलग्नता के लक्षण

- i. सहलग्नता में दो या अधिक जीन शामिल हैं जो एक रैखिक फैशन में एक ही गुणसूत्र में स्थित हैं।
- ii. सहलग्नता परिवर्तनशीलता को कम करता है।
- iii. सहलग्नता में प्रमुख या पुनरावर्ती एलील (युग्मन चरण) या कुछ प्रमुख और कुछ रिसेसिव एलील्स (प्रतिकर्षण चरण) शामिल हो सकते हैं।
- iv. सहलग्नता में आमतौर पर उन जीन शामिल होते हैं जो एक दूसरे के करीब स्थित होते हैं।
- v. सहलग्नता की ताकत लिंकड जीन के बीच की दूरी पर निर्भर करती है। दूरी कम, उच्च शक्ति और इसके विपरीत।
- vi. सहलग्नता टेस्ट क्रॉस पूर्वज डेटा से निर्धारित किया जा सकता है।

Linkage groups

- Linkage group refers to a group of genes which are present in one chromosome. In other words, all those genes which are located in one
- Chromosome constitute one linkage group. The number of linkage groups is limited in each individual. The maximum number of linkage groups is equal to the haploid chromosome number of an organism.
- Eg- For example there are ten linkage groups in corn ($2n = 20$), seven in garden pea ($2n = 14$), seven in barley ($2n = 14$), four in *Drosophila melanogaster* ($2n = 8$) and 23 in man ($2n = 46$).

सहलग्नता समूह

- सहलग्नता समूह जीन के एक समूह को संदर्भित करता है जो एक गुणसूत्र में मौजूद होते हैं। दूसरे शब्दों में, वे सभी जीन जो एक में स्थित हैं
- गुणसूत्र एक सहलग्नता समूह का गठन करते हैं। प्रत्येक व्यक्ति में सहलग्नता समूहों की संख्या सीमित है। सहलग्नता समूहों की अधिकतम संख्या एक जीव के अगुणित गुणसूत्र संख्या के बराबर है।
 - जैसे- उदाहरण के लिए मकई में दस सहलग्नता समूह हैं ($2n = 20$), बगीचे के मटर में सात ($2n = 14$), जौ में सात ($2n = 14$), चार ड्रोसोफिला मेलानोगास्टर ($2n = 8$) और 23 आदमी में ($2n = 46$).

Detection of linkage

- Test cross is the most common method of detecting the linkage. In this method, the F₁ heterozygous at two loci (AB/ab) is crossed to a double recessive parent (ab/ab) and the phenotypic ratio of test cross progeny is examined.
- If the phenotypic ratio of test cross progeny shows 1:1:1:1 ratio of parental and recombinant genotypes, it indicates absence of linkage.
- If the frequency of parental types and recombinant types deviate significantly from the normal dihybrid test cross ratio of 1:1:1:1, it reveals presence of linkage between two genes under study.

सहलग्नता का पता लगाना

- टेस्ट क्रॉस सहलग्नता का पता लगाने का सबसे आम तरीका है। इस विधि में, दो लोकी (AB / ab) पर F₁ विषमयुग्मजी को एक दोहराव वाले अभिभावक (ab / ab) के पास ले जाया जाता है और परीक्षण क्रॉस प्रोजनी के फेनोटाइपिक अनुपात की जांच की जाती है।
- यदि परीक्षण क्रॉस संतान का फेनोटाइपिक अनुपात 1: 1: 1: 1 माता-पिता और पुनः संयोजक जीनोटाइप का अनुपात दिखाता है, तो यह संबंध की अनुपस्थिति को दर्शाता है।
- यदि माता-पिता के प्रकार और पुनः संयोजक प्रकार की आवृत्ति 1: 1: 1: 1 के सामान्य डायहाइब्रिड टेस्ट क्रॉस अनुपात से महत्वपूर्ण रूप से विचलित हो जाती है, तो यह अध्ययन के तहत दो जीनों के बीच संबंध की उपस्थिति का खुलासा करता है।

Gene Linkage & Recombination

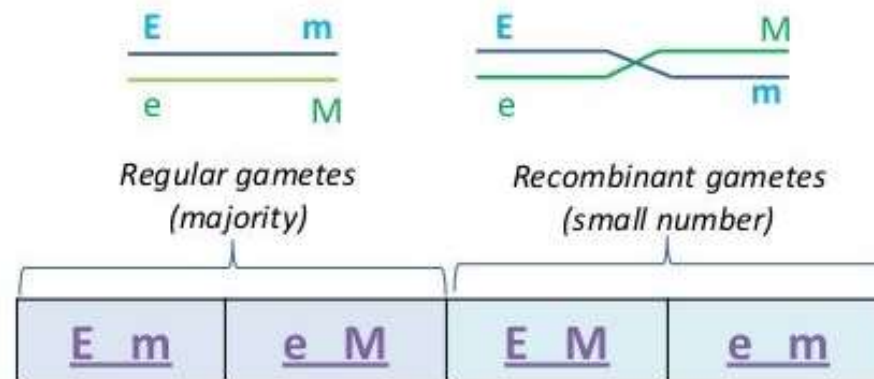


Two genes are linked as shown here

E	m
e	M

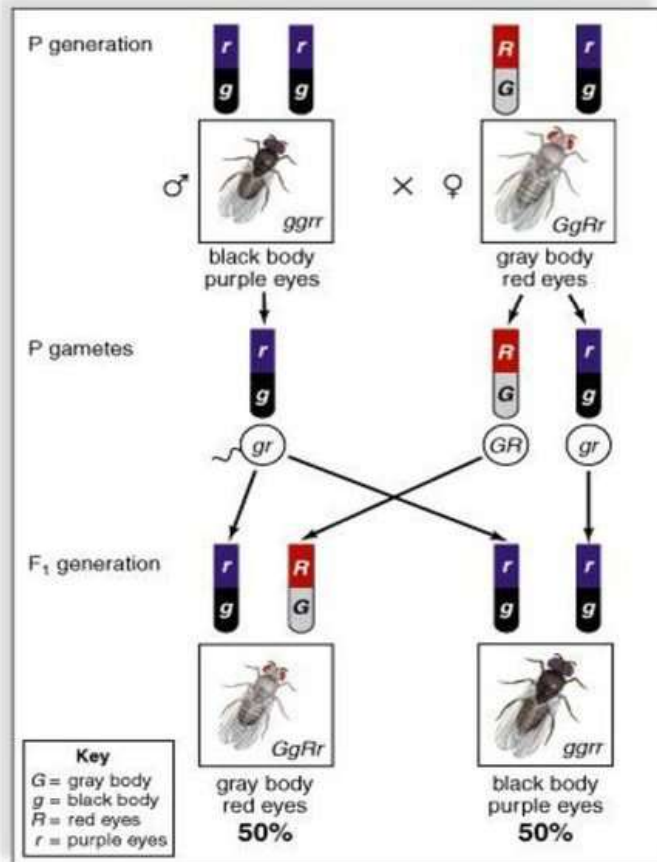
The genes are far apart such that crossing-over between the alleles occurs **occasionally**. Which statement is true of the gametes?

- A. All of the gametes will be Em and eM
- B. There will be equal numbers of EM, EM, eM and em
- C. There will be approximately equal numbers of EM and eM gametes
- D. There will be more Em gametes than em gametes**

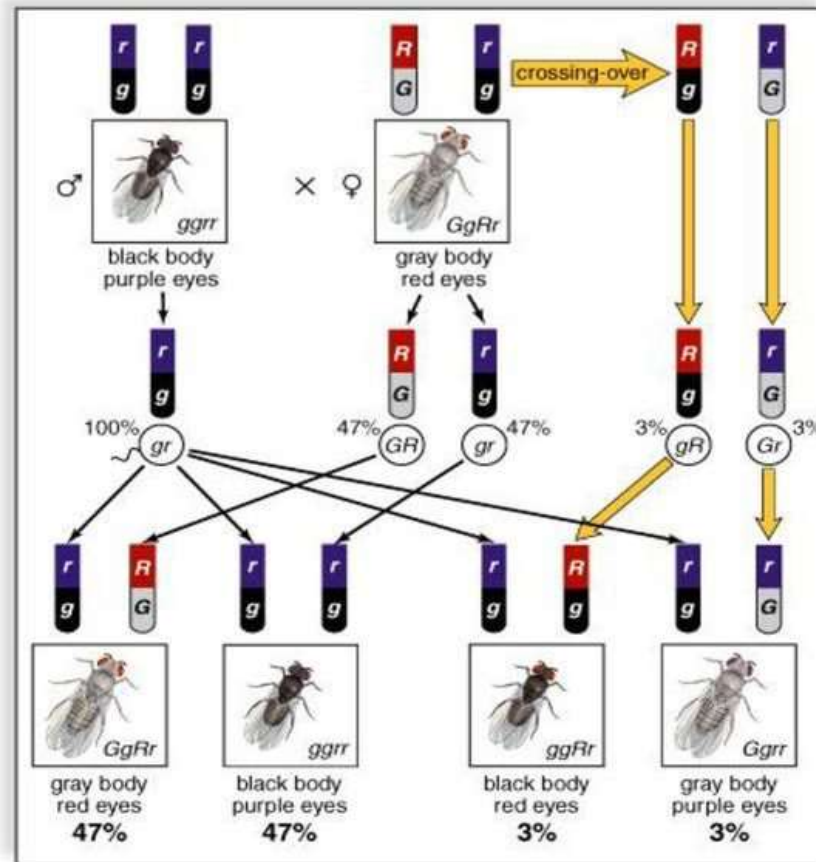


Complete vs. Incomplete Linkage

Copyright © The McGraw-Hill Companies, Inc. Permission required for reproduction or display.



a.



b.

Thank you