

Sledování dědičnosti kvantitativního znaku u *Drosophila melanogaster*

Znaky

kvalitativní

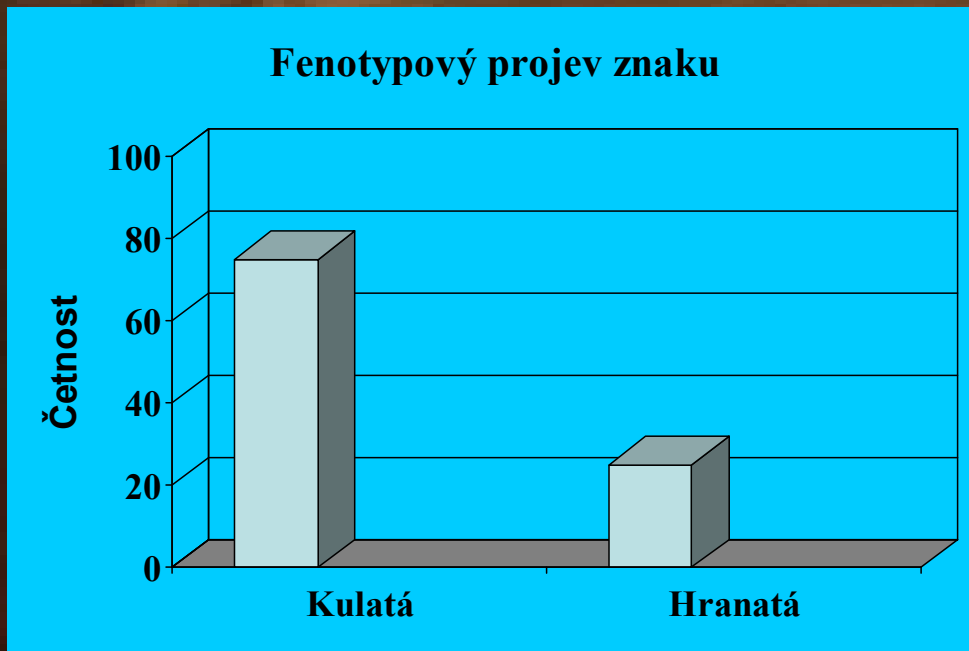
1 – 2 geny = **oligogeny**

jednoznačně vymezený fenotypový projev = **diskontinuitní proměnlivost**

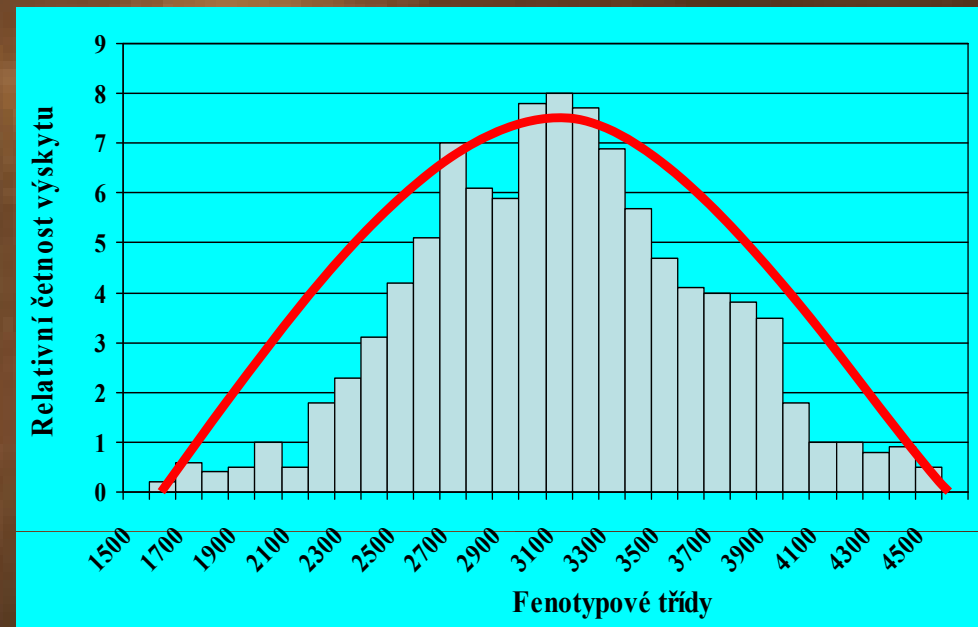
kvantitativní

větší počet genů = **polygeny**

plynulý přechod mezi extrémy =
= **kontinuitní proměnlivost**



Tvar semene u hrachu.



Histogram dojivosti při první laktaci plemene Friesian

Znaky

kvalitativní

1 – 2 geny

jednoznačně vymezený fenotypový
projev = **diskontinuitní proměnlivost**

kvantitativní

větší počet genů – **polygeny**

plynulý přechod mezi extrémy =
= **kontinuitní proměnlivost**

**vyhodnocují se měřením na
populaci jedinců**

**velký vliv má prostředí
(negenetické vlivy)**

**nelze je vždy od sebe jednoznačně odlišit
(např. duplicita kumulativní bez dominance
je podmíněna pouze 2 geny)**

**vlivy jednotlivých alel se ve
fenotypu sčítají**

Př.: Dědičnost délky semene u fazolí.

Odrůda drobných fazolí s průměrnou délkou 12 mm (kolísající od 10 do 14 mm) byla křížena s velkosemennou odrůdou 16 mm (od 12 do 20 mm). F₁ byla přibližně intermedierní, zatímco F₂ dala tyto výsledky:

| Délka semen v mm | Počet semen |
|------------------|-------------|
| 11 | 3 |
| 12 | 9 |
| 13 | 34 |
| 14 | 131 |
| 15 | 251 |
| 16 | 330 |
| 17 | 323 |
| 18 | 138 |
| 19 | 40 |
| 20 | 7 |

P: 12 mm x 16 mm

F₁: 15,5 mm

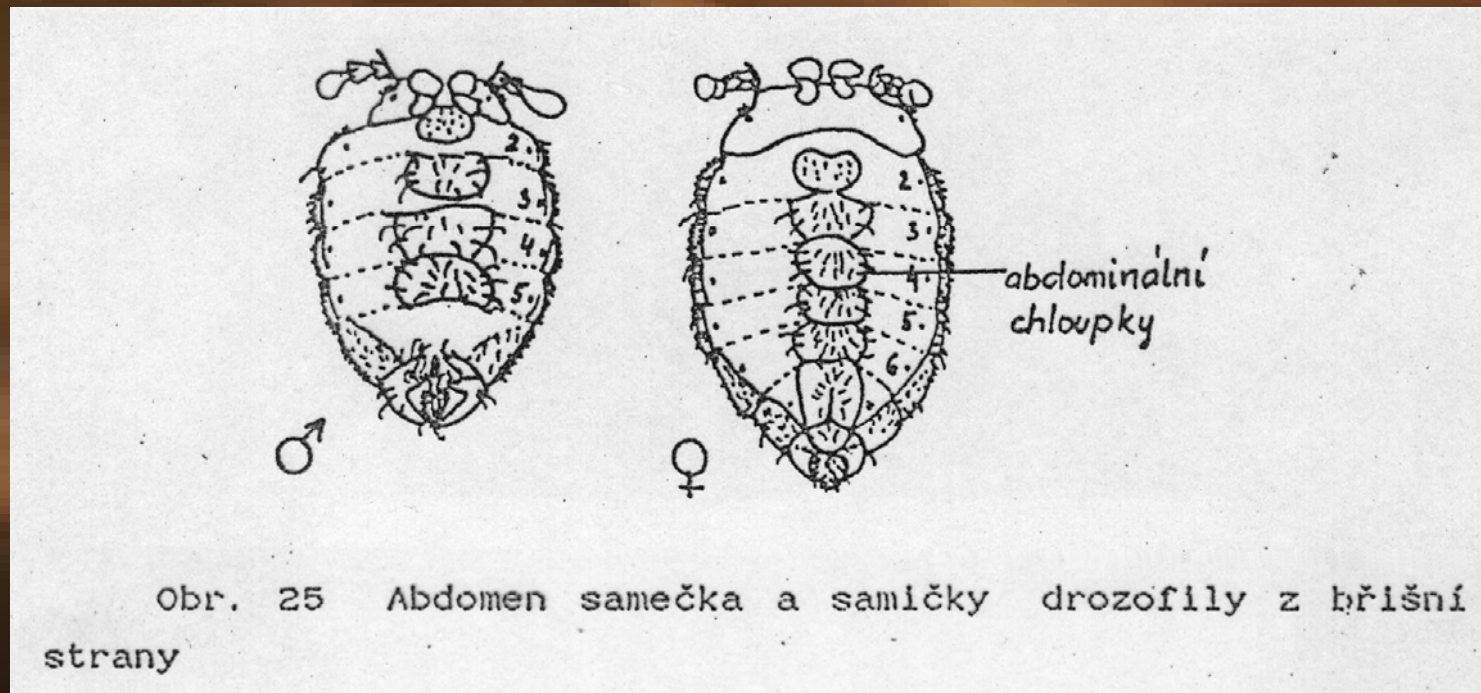
F₂: 11 až 20 mm



transgrese znaku

Pokus:

- sledovaným znakem u *D. melanogaster* bude počet abdominálních chloupků na 4. abdominálním segmentu

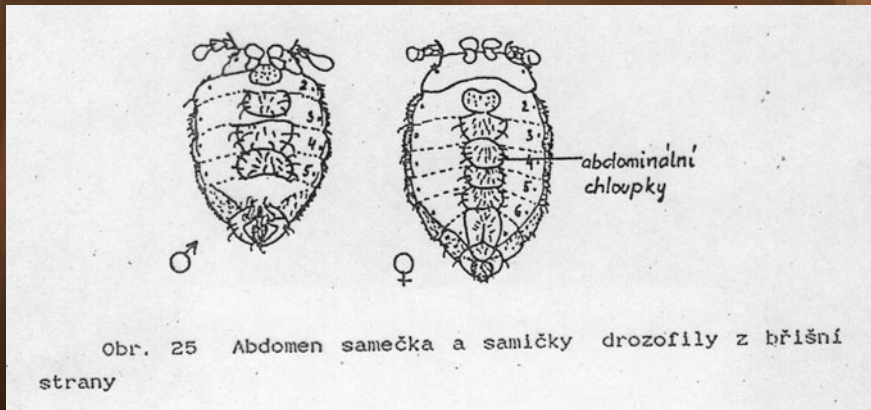


Pokus:

- sledovaným znakem u *D. melanogaster* bude počet abdominálních chloupků na 4. abdominálním segmentu
- před čtyřmi týdny byla **založena jednopárová křížení** samičky se samečkem, u nichž byl stanoven počet chloupků
- o dva týdny později byla **získaná generace F_1** s průměrným počtem chloupků přenesena na nové kultivační médium
- nyní máme **k dispozici** populaci jedinců F_2 , na níž budeme hodnotit tento znak

Postup:

- 1) rozdělte se do 5 skupin – každá skupina vyhodnotí 10 samic a 10 samečků
 - uspané mouchy položte na sklíčko břišní stranou nahoru a hlavou vzdálenou od pozorovatele
 - spočítejte chloupky na 4. abdominálním segmentu pod preparačním mikroskopem u 10 samic a 10 samečků



| číslo mouchy | 1 | 2 | 3 | | 20 | Celkem |
|--------------------|---|---|---|-------|----|--------|
| počet chloupků (x) | | | | | | |

- 2) každá skupina vytvoří tabulku, do níž zanesou pozorované hodnoty u 20 jedinců a vypočítá průměrnou hodnotu (\bar{x}) a směrodatnou odchylku (s).

$$\bar{x} = \frac{\sum x}{n}$$

$$s = \sqrt{s^2}$$

$$s^2 = \frac{\sum (x^2) - \frac{(\sum x)^2}{n}}{n - 1}$$

- výsledkem je odhad průměrného počtu chloupků s odchylkou pro sledovanou populaci jedinců, často vyjadřovaný intervalem spolehlivosti pro 1 až 3 násobek směrodatné odchylky

| | |
|------------------|--------|
| $\bar{x} \pm s$ | 68 % |
| $\bar{x} \pm 2s$ | 95 % |
| $\bar{x} \pm 3s$ | 99,7 % |