

Sledování dědičnosti kvantitativního znaku u *Drosophila melanogaster*

Sledování dědičnosti kvantitativního znaku u *Drosophila melanogaster*

Znaky

kvalitativní

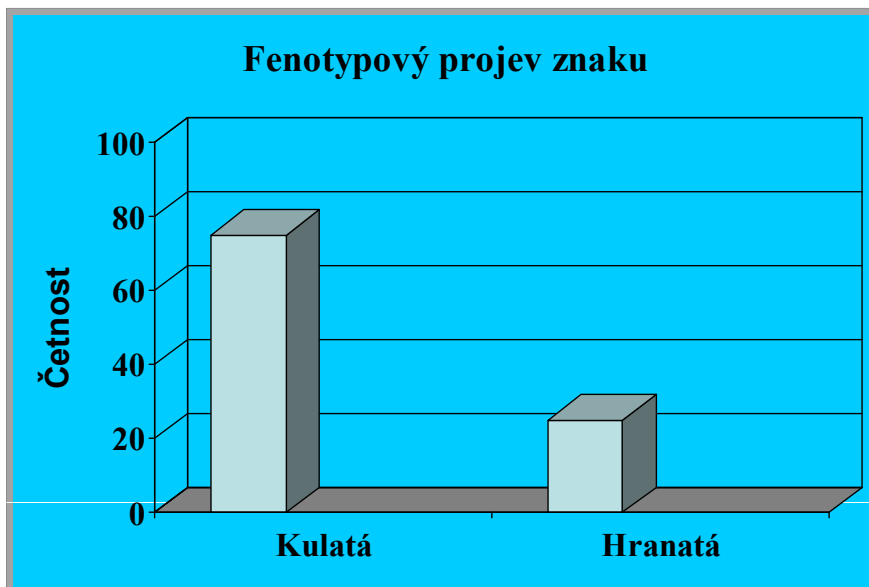
kvantitativní

1 – 2 geny = **oligogeny**

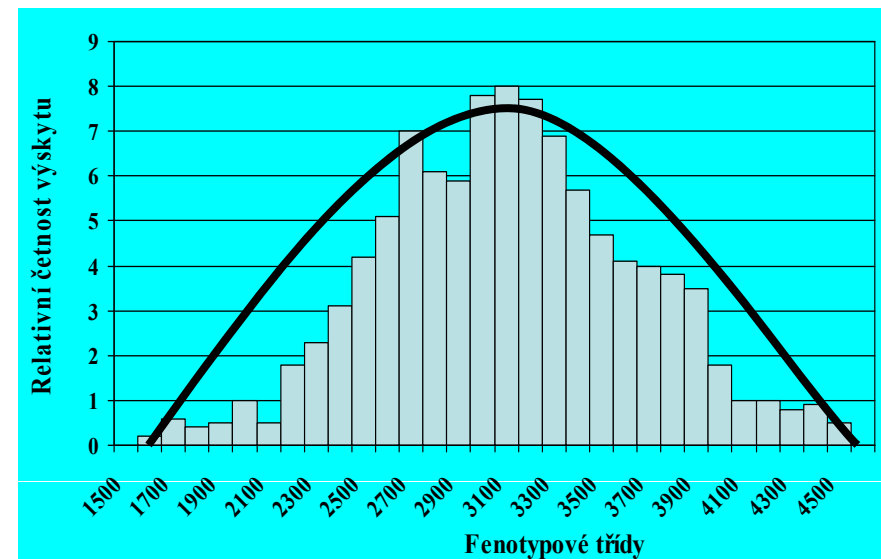
větší počet genů = **polygeny**

jednoznačně vymezený fenotypový projev = **diskontinuitní proměnlivost**

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



Tvar semene u hrachu



Histogram dojivosti při první laktaci plemene Friesian

kvalitativní

Znaky

kvantitativní

1 – 2 geny = **oligogeny**

větší počet genů = **polygeny**

jednoznačně vymezený fenotypový
projev = **diskontinuitní proměnlivost**

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). F_1 byla přibližně intermediární, zatímco F_2 dala tyto výsledky:



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). F_1 byla přibližně intermediární, zatímco F_2 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

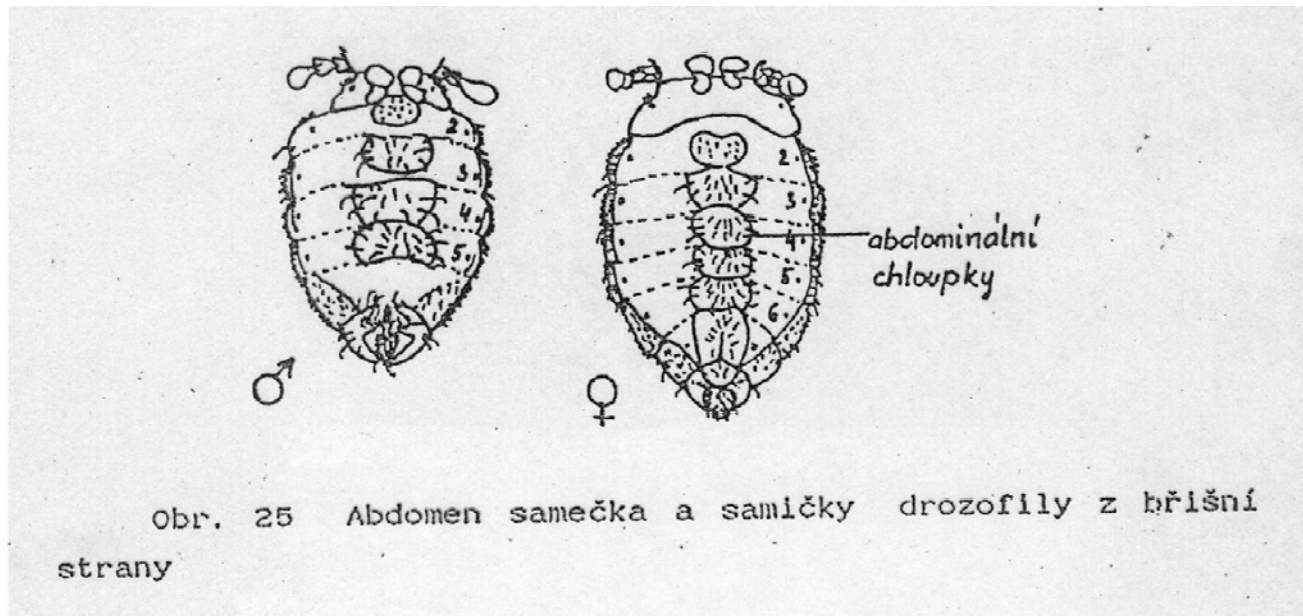
F_1 : 15,5 mm

F_2 : 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

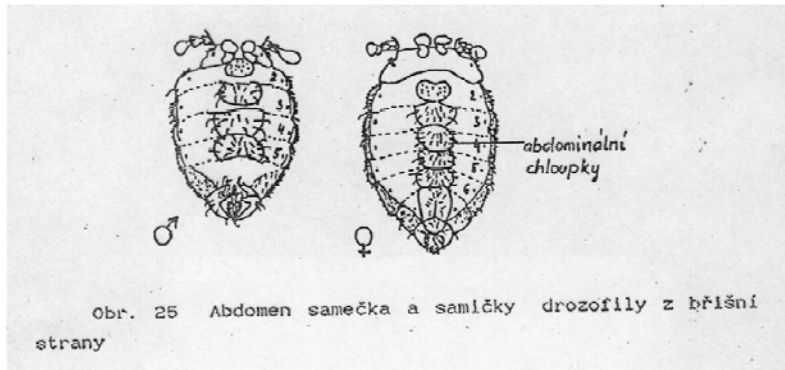
- před čtyřmi týdny byla založena jednopárová křížení samičky se samečkem, u nichž byl stanoven počet chloupků

- 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 zanesé 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 %