

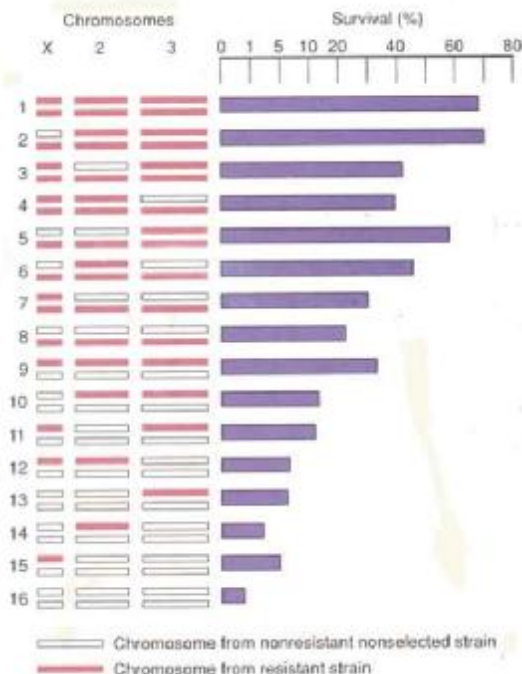
Location of polygenes:

این حقیقت که ژن های کنترل کننده خصوصیات با توزیع پیوسته می توانند در کل ژنوم پخش باشند توسط *James Crow* نشان داده شد. وی به بررسی سویه های مقاوم به *DDT* در دروزوفیلا می پرداخت سویه مقاوم به *DDT* در این حشرات از طریق رشد دادن آن ها در محیطی که درصد حشره کش آن افزایش داده می شد حاصل شد. پس *Crow* به صورت سیستماتیک هر کروموزوم را برای تعیین درصد مقاومتی که ایجاد می کرد آزمایش نمود.

مگس های حساس با مگس های مقاوم آمیزش داده شدند و پسران حاصل *backcross* شدند. سپس زاده ها برای کروموزوم های خاصی که ایجاد کننده مقاومت در آن ها بودند شمرده شدند [هر کروموزوم یک علامت خاصی داشت] و میزان مقاومت آن ها به *DDT* تعیین شد.

پسرها در *backcross* استفاده شدند چون در نرها *cross over* وجود ندارد به همین دلیل کروموزوم های حساس و مقاوم به صورت دست نخورده به نسل بعد منتقل می شوند.

نتایج حاصل از کار *crow* در شکل زیر نشان داده شده است و همانگونه که مشخصی است هر کروموزوم پتانسیلی برای افزایش مقاوت به *DDT* در مگس دارد. به همین دلیل هر کروموزوم حاوی لوکوس هایی است که در فنوتیپ این صفت *additive* دخیل هستند.



Significance of polygenic Inheritance

مفهوم صفات *additive* در تئوری ژنتیک از اهمیت زیادی برخوردار است چرا که بیان می کند قوانین وراثت مندلی قادر به تحلیل صفات دارای توزیع پیوسته هستند. در نتیجه قوانین مندلی برای خصوصیات گسسته قابل استفاده برای صفات کمی نیز هستند.

صفات *additive* دارای اهمیت عملی نیز هستند. بسیاری از محصولات کشاورزی - گیاهان و جانوران - تابع وراثت چندژنی هستند. مانند تولید شیر و میوه و سبزیجات اضافه بر این بسیاری از خصوصیات انسان مانند قد و *IQ* نیز به نظر می رسد که چند ژنی هستند البته این صفات تحت تاثیر شرایط محیطی نیز قرار می گیرند.

از نظر تاریخی مطالعه روی صفات کمی قبل از دوباره کشف شدن کارهای مندلی آغاز شد. در واقع در

اوایل این قرن بین بیولوژیک ها مناظرات وجود داشت در مورد اینکه عقاید « Mendilians » یا عقاید

« biometricions » در مورد وراثت درست بود؟

biometricions از روش های استاتیک برای مطالعه خصوصیتی که دارای ویژگی توزیع پیوسته

بودند استفاده می کردند و عقیده داشتند که یک ژن مستقل نمی تواند چنین الگوی وراثتی را ایجاد کند.

این افراد به جنبه های تکاملی یک فنوتیپ علاقمند بودن - صفاتی که در طول زمان به آهستگی

تغییر می کنند.

Mendilians عقیده داشتند که فنوتیپ توسط ژن های ژن های مستقل کنترل می شود. در انتها

اثبات شد که عقیده *Mendilians* درست بود. ولی ابزار و روش های *biometricions* برای مطالعه صفات

کمی مناسب تر است.

مدرسه *biometric* توسط *Gotton* و *pearson* تاسیس شد. این افراد نشان دادند که بسیاری از

صفات کمی همچون قد ارثی هستند. آن ها ابزارهای استاتیکی برای آنالیز همبستگی و رگرسیون ابداع

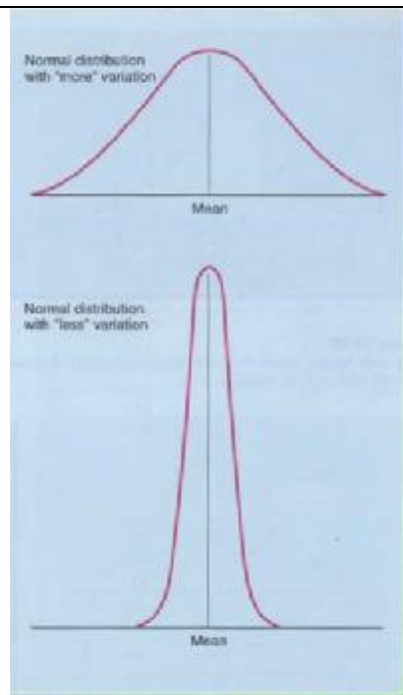
کردند تا به بررسی صفاتی که به طور یکنواخت توزیع می شوند. بپردازند.

population Statitions :

یک توزیع می تواند از جهات بسیار زیادی مورد بررسی قرار گیرد. یک راه تحقیق یک فرمول برای

شکلی است که توسط فراوانی های انواع موجب در توزیع ایجاد می شود. یک توصیف کاربردی تر از یک

توزیع توسط تعیین میانگین آن توزیع شروع می شود (شکل)



همانگونه که از شکل مشخص است میانگین به تنهایی برای توصیف یک توزیع کافی نیست. تغییرات در اطراف میانگین تعیین کننده شکل واقعی منحنی است (ما توصیف خود را به یک منحنی متقارن که به شکل زنگوله است منحصر می کنیم و آن را توزیع نرمال می نامیم. بسیاری از توزیع ها به صورت توزیع نرمال هستند)

Mean, Variance and standard Deviation

میانگین یک سری از اعداد یک میانگین حسابی از آن اعداد است که به صورت زیر نمایش داده می شود.

$$1. \bar{x} = \frac{\sum x}{n}$$

که در آن:

$$\bar{x} = \text{میانگین}$$

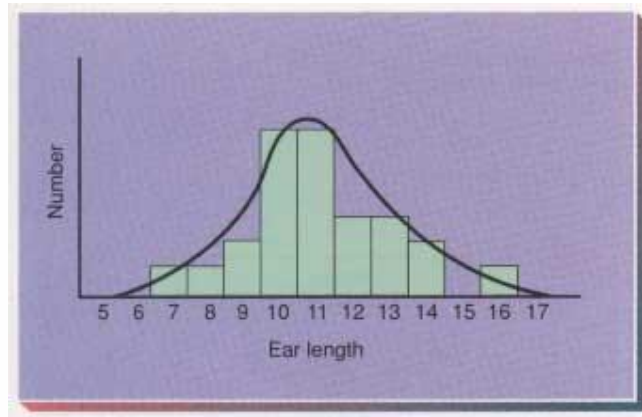
$$\sum x = \text{مجموع تمام داده ها}$$

تعداد داده هایی که با هم جمع شده اند $n =$

در جدول 1 میانگین داده های توزیع نشان داده شده در شکل زیر محاسبه شده است. تغییرات اطراف

میانگین به صورت میانگین مربعات تفاضل داده ها و میانگین محاسبه می شود:

$$2. S^2 = V = \frac{\sum (x - \bar{x})^2}{n - 1}$$



جدول 1

TABLE 18.2 Hypothetical Data Set of Ear Lengths (x) Obtained When Corn Is Grown from an Ear of Length 11 cm

x	$(x - \bar{x})$	$(x - \bar{x})^2$
7	-4.12	16.97
8	-3.12	9.73
9	-2.12	4.49
9	-2.12	4.49
10	-1.12	1.25
10	-1.12	1.25
10	-1.12	1.25
10	-1.12	1.25
10	-1.12	1.25
10	-1.12	1.25
11	-0.12	0.01
11	-0.12	0.01
11	-0.12	0.01
11	-0.12	0.01
11	-0.12	0.01
11	-0.12	0.01
12	0.88	0.77
12	0.88	0.77
12	0.88	0.77
13	1.88	3.53
13	1.88	3.53
13	1.88	3.53
14	2.88	8.29
14	2.88	8.29
<u>16</u>	<u>4.88</u>	<u>23.81</u>
$\Sigma x = 278$		$\Sigma (x - \bar{x})^2 = 96.53$

$$n = 25$$

$$\bar{x} = \frac{\Sigma x}{n} = \frac{278}{25} = 11.12$$

$$s^2 = V = \frac{\Sigma(x - \bar{x})^2}{n - 1} = \frac{96.53}{24} = 4.02$$

$$s = \sqrt{s^2} = \sqrt{4.02} = 2.0$$

این مقدار واریانس نامیده می شود مشاهده می شود که هر چه توزیع دامنه بیشتری داشته باشد

مقدار واریانس بیشتر خواهد بود.

واریانس یکی از ساده ترین ساختارهای محاسباتی است که با استفاده از میانگین می توان آن را

محاسبه کرد. شاید این سوال پیش بیاید که چرا میانگین تفاضل داده ها و میانگین را محاسبه نمی کنیم و به جای آن از واریانس استفاده می کنیم.

برای مثال می توانیم مقیاس تغییر را به صورت زیر محاسبه کنیم:

$$\frac{\sum (x - \bar{x})}{n - 1}$$

(بعداً به این موضوع که چرا در محاسبات از $n - 1$ به جای n استفاده می کنیم می پردازیم)

خاطر نشان می کنیم که مقدار محاسبه شده در بالا برابر صفر است. با توجه به تعریف میانگین، حاصل جمع داده های حاصل از تفاضل داده ها و میانگین برای داده های بیشتر از میانگین دقیقاً برابر حاصل جمع داده های حاصل از تفاضل داده ها میانگین برای داده های کوچکتر از میانگین است در حالی که یک مجموع + و دیگری منفی است در نتیجه مجموع کل برابر صفر خواهد بود.

در این حالت اگر هر تفاضل را به توان 2 برسانیم سپس مجموع را حساب کنیم و از روی آن واریانس را به دست آوریم عدد حاصل صفر نخواهد بود.

در جدول 1 طول خوشه ها نوشته شده است که این داده ها حاصل نمونه گیری از یک جمعیت نامتناهی (از نظر تئوری) از گونه ذرت است. کارشناسان آمار به مقدار نمونه ها داده آماری گویند (برای نشان دادن آن ها از حروف الفبای رومی استفاده می کنند) و به مقادیر جمعیت متغیر گویند (برای نشان دادن آن ها از حروف الفبای یونانی استفاده می کنند). مقدار نمونه یک تخمین از مقدار واقعی در جمعیت است.

در نتیجه فرمول واریانس (2) برای مقادیر نمونه، S^2 یا V ، یک تخمین از واریانس جمعیت است. زمانی که از مقادیر نمونه برای تخمین زدن متغیرها استفاده می شود یک واحد از درجه آزادی کاهش می یابد

و به همین دلیل برای محاسبه واریانس نمونه در مخرج از $(n-1)$ به جای اندازه نمونه استفاده می کنیم $(n-1)$ برای درجه آزادی است.

واریانس برای کل جمعیت (با این فرض که میانگین جمعیت m و مقدار تمام داده های مشخص است) از طریق تقسیم کردن به n حساب می شود واریانس نمونه در جدول 1 محاسبه شده است.

واریانس دارای خصوصیات قابل توجهی است. یکی از این خصوصیات جمع پذیر بودن آن است. در نتیجه اگر بتوانیم تعیین کنیم که هر متغیر چه مقدار در واریانس تاثیر گذار است می توان آن مقدار را از کل واریانس کم کرد. پس مقدار باقیمانده حاصل از تاثیر متغیرهای دیگر روی ویژگی است.

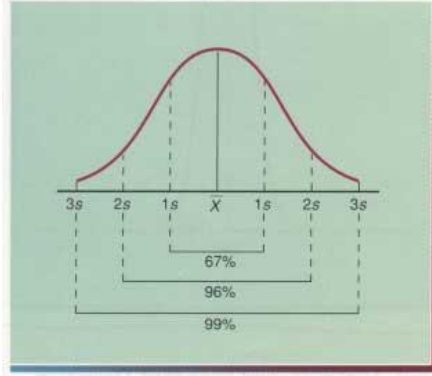
این خصوصیت سبب شده است که واریانس در بخش های کمی تئوری ژنتیک از اهمیت بالایی برخوردار باشد.

انحراف معیار نیز یک مقیاس برای سنجش تنوع در یک توزیع است. انحراف معیار ریشه دوم واریانس است

$$3. S = \sqrt{V}$$

در یک توزیع نرمال تقریباً 67٪ سطح زیر منحنی در فاصله $[\bar{x} - s, \bar{x} + s]$ قرار دارد و 96٪ سطح زیر منحنی در فاصله $[\bar{x} - 2s, \bar{x} + 2s]$ و 99٪ سطح زیر منحنی در فاصله $[\bar{x} - 3s, \bar{x} + 3s]$ قرار دارد (شکل)





در نتیجه برای داده های جدول 1 تقریباً $\frac{2}{3}$ جمعیت دارای طول خوشه های بین $9/12$ و $13/12$ سانتی

متر خواهند بود.

(انحراف معیار \pm میانگین)

آخرین مقیاس پراکندگی اطراف میانگین *standard error of the mean* (*SE*) نام دارد.

$$SE = \frac{S}{\sqrt{n}}$$

خطای استاندارد (برای میانگین) یک انحراف استاندارد اطراف میانگین توزیع میانگین های نمونه

است. به بیان دیگر، اگر نمونه گیری و آزمایش را چندین مرتبه تکرار کنیم در هر مرتبه یک مقدار خاصی برای

میانگین حاصل میشود. در گام بعدی میتوان از این میانگین ها به عنوان داده استفاده نمود. انتظار داریم که تنوع

و تغییر در جمعیت میانگین ها کمتر از تنوع در داده ها باشد که اینطور نیز هست.

در اکثر موارد داده ها را می توان به صورت " $\pm SE$ میانگین" خلاصه کرد.

در مثالی که در جدول 1 آورده شده است، $SE = \frac{2}{\sqrt{25}} = \frac{2}{5} = 0.4$ ، می توانیم داده ها را به

صورت 11.1 ± 0.4 خلاصه کنیم.

شبکه رشد - شبکه ملی مدارس ایران



Olympiad.roshd.ir