

Measurement Of Heritability:

سه روش کلی برای تخمین زدن ارث پذیری مورد استفاده قرار می گیرد.

1. همان گونه که قبلاً بررسی کردیم، ارث پذیری را می توان بوسیله پاسخ یک جمعیت به انتخاب

اندازه گیری کرد.

2. می توانیم مولفه های یک واریانس را از طریق حذف کردن یک مولفه و نسبت دادن باقیمانده

واریانس به عوامل دیگر، به طور مستقیم تخمین بزنیم. برای مثال، با حذف کردن عوامل

محیطی واریانس می توان مولفه ژنتیکی به را به طور مستقیم تخمین زد یا می توان با حذف

کردن عوامل ژنتیکی واریانس، مولفه محیطی آن را به طور مستقیم تخمین زد.

3. می توانیم تشابه بین خویشاوندان را اندازه گیری کنیم.

اکنون به 2 روش اخیر می پردازیم

مولفه های تشکیل دهنده واریانس طی روش های متفاوتی قابل حذف شدن هستند. اگر از ارگانسیم

هایی که از ژنتیکی یکسان هستند استفاده کنیم در این صورت تاثیر عوامل *additive* ، غالب بودن و

اندرکنش ها در واریانس معادل صفر خواهد بود و هر چه باقی ماند به دلیل عوامل محیطی است.

برای مثال: *Robertson* مولفه های واریانس برای طول *Thorax* در دروزوفیلا را تعیین نمود.

واریانس کل. (V_{ph}) در جمعیتی که از نظر ژنتیکی هتروزیگوت بودن معادل 0/366 بود.

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 |
| 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 |
| 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> |
| $\Sigma x = 278$ | | $\Sigma (x - \bar{x})^2 = 96.53$ |

$$n = 25$$

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

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

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

TABLE 18.4 Johanssen's Findings of Relationship between Bean Weights of Parents and Their Progeny

| Weight of Parent Beans | Weight of Progeny Beans (centigrams) | | | | | | | | | | | | | | | | n | Mean ± SE |
|------------------------|--------------------------------------|----|----|-----|-----|-----|-------|-------|-----|-----|-----|-----|----|----|----|----|-------|--------------|
| | 15 | 20 | 25 | 30 | 35 | 40 | 45 | 50 | 55 | 60 | 65 | 70 | 75 | 80 | 85 | 90 | | |
| 65-75 | | | | 2 | 3 | 16 | 37 | 71 | 104 | 105 | 75 | 45 | 19 | 12 | 3 | 2 | 494 | 58.47 ± 0.43 |
| 55-65 | | | 1 | 9 | 14 | 51 | 79 | 103 | 127 | 102 | 66 | 34 | 12 | 6 | 5 | | 609 | 54.37 ± 0.41 |
| 45-55 | | | 4 | 20 | 37 | 101 | 204 | 281 | 234 | 120 | 76 | 34 | 17 | 3 | 1 | | 1,138 | 51.45 ± 0.27 |
| 35-45 | 5 | 6 | 11 | 36 | 139 | 278 | 498 | 584 | 372 | 213 | 69 | 20 | 4 | 3 | | | 2,238 | 48.62 ± 0.18 |
| 25-35 | | 2 | 13 | 37 | 58 | 133 | 189 | 195 | 115 | 71 | 20 | 2 | | | | | 835 | 46.83 ± 0.30 |
| 15-25 | | | 1 | 3 | 12 | 29 | 61 | 38 | 25 | 11 | | | | | | | 180 | 46.53 ± 0.52 |
| Totals | 5 | 8 | 30 | 107 | 263 | 608 | 1,068 | 1,278 | 977 | 622 | 306 | 135 | 52 | 24 | 9 | 2 | 5,491 | 50.39 ± 0.13 |

وی سپس به بررسی واریانس در بین مگس هایی که از نظر ژنتیکی هموزیگوت بودند پرداخت در

آزمایشات با استفاده از درون آمیزی والدین طی نسل های متوالی فرزندان هموزیگوت به دست می آورند.

He studied the fl in several different mating of inbred lines

And found the variance in thorax length to be 0.186 (VE)

با استفاده از تفاضل ($0/366 - 0/186$)، واریانس ژنتیکی کل (V_G) معادل $0/180$ خواهد بود و با

استفاده از این مقدار، ارث پذیری در مفهوم گسترده را می توان محاسبه کرد:

$$HB = \frac{V_G}{V_{PH}} = \frac{0.180}{0.366} = 0.49$$

برای محاسبه ارث پذیری در مفهوم محدود آن پیدا کردن مولفه های واریانس ژنتیکی، (V_G)، لازم

است. واریانس ژنتیکی به طور مستقیم با حذف تاثیر محیط قابل محاسبه است. ساده ترین راه پرورش گیاهان

در گلخانه است. تحت آن شرایط، متغیرای محیطی مثل کیفیت خاک، آب و نور خورشید با دقت زیادی قابل

کنترل هستند. در نتیجه واریانس بین واریانس بین افرادی که تحت این شرایط پرورش یافته اند معادل با

واریانس ژنتیکی خواهد بود. واریانس فنوتیپیک کل از طریق بررسی گیاهانی که در شرایط طبیعی پرورش یافته

اند قابل محاسبه است. با استفاده از این داده ها هم می توان ارث پذیری با مفهوم گسترده را محاسبه کرد.

روش های زیادی برای مجزا کردن *additive* از غالب بودن و اپیستازی در واریانس ژنتیکی وجود دارد.

بیشتر این روش ها براساس همبستگی بین خویشاوندان تدوین می شود. به این ترتیب که تشابه ژنتیکی مورد

انتظار بین 2 خویشاوند خاص با تشابه ژنتیکی واقعی بین آن ها مقایسه می شود

The expected amount of genetic similarity is the proportion of genes shared, it is

Known quantity for any formal relatedness

برای مثال به طور معمول نیمی از ژن های یک والد و فرزندان مشابه است. ارتباط بین همبستگی

مشاهده شد. و مورد انتظار بین خویشاوندان یک محاسبه مستقیم از ارث پذیری در مفهوم محدود آن است که

به صورت زیر تعریف می شود:

$$13. \quad H_N = \frac{r_{obs}}{r_{exp}}$$

در این فرمول r_{obs} برابر همبستگی مشاهده شد. بین 2 خویشاوند و r_{exp} معادل با همبستگی مورد

انتظار است. همبستگی مورد انتظار معادل با نسبت معمول همبستگی ژنی است.

این امر باید مورد توجه قرار گیرد که می توان همبستگی مشاهده شده بین خویشاوندان را به طور

مصنوعی افزایش داد اگر فاکتور های محیطی تصادفی نباشند از آنجایی که می دانیم خویشاوندان به طور

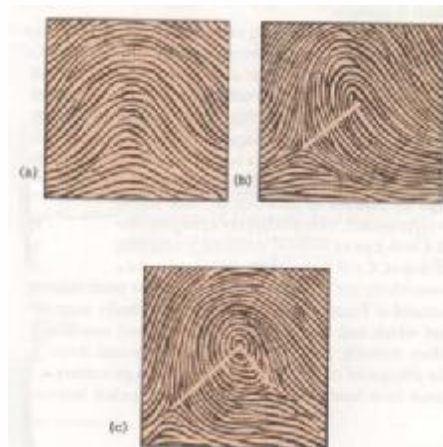
معمول در محیط های یکسان (یا مرتبط) زندگی می کند، ممکن است شباهت های فنوتیپی را به طور مستقل

از ژنوتیپشان بروز دهند. توجه کردن به این موضوع مهم است به خصوص زمانی که به بررسی خصوصیات انسان

ها می پردازیم که در این حالت تشخیص و تفکیک یا اندازه گیری شباهت های حاصل از محیط تقریباً غیر

ممکن می باشد. در نتیجه r_{obs} می تواند در ظاهر افزایش یابد که منجر به زیاد شدن H_N می شود در انسان

ها تعداد برجستگی های انگشتان (اثر انگشت شکل)



دارای ارث پذیری بالایی است و به نظر می رسد که تاثیر محیط در مراحل تکوین جنینی این برجستگی

ها بسیار کم است (جدول 1).

TABLE 18.6 Correlations Between Relatives, and Heritabilities, for Finger-Ridge Counts

| Relationship | r_{obs} | r_{exp} | H_N |
|-------------------|-----------|-----------|-------|
| Mother-Child | 0.48 | 0.50 | 0.96 |
| Father-Child | 0.49 | 0.50 | 0.98 |
| Siblings | 0.50 | 0.50 | 1.0 |
| Dizygotic Twins | 0.49 | 0.50 | 0.98 |
| Monozygotic Twins | 0.95 | 1.00 | 0.95 |

From Sarah B. Holt, "Quantitative Genetics of Finger-Print Patterns" in *British Medical Bulletin*, 17, Copyright © 1961 Churchill Livingstone Medical Journals, Edinburgh, Scotland. Reprinted by permission.

دوقلوهای تک تخمکی از یک تخم حاصل می شوند که این تخم در مراحل اولیه تکوین به 2 جنین تفکیک می شود. این دو قلوها ژنوتیپ یکسان دارند. دوقلوهای دو تخمکی حاصل بارور شدن همزمان 2 تخمک هستند. و ارتباط آن ها مثل ارتباط بین دو خواهر و برادر است (تاثیرات محیط روی این 3 ارتباط ممکن است متفاوت باشد و پاسخ داده شده به آن ها توسط خویشاوندان و دوستان ممکن است متفاوت باشد). در نتیجه داده هاشان می دهند که اثر انگشت انسان تقریباً به طور کامل توسط *additive genes* کنترل شده و سهم عوامل محیطی و تغییر غالب بودن قابل چشم پوشی است. تعداد کمی از خصوصیات انسان به این سادگی کنترل می شوند (جدول 2)

TABLE 18.7 Some Estimates of Heritabilities (H_N) for Human Traits and Disorders

| Trait | Heritability |
|---------------------------|--------------|
| Schizophrenia | 0.85 |
| Diabetes mellitus | |
| Early onset | 0.35 |
| Late onset | 0.70 |
| Asthma | 0.80 |
| Cleft lip | 0.76 |
| Heart disease, congenital | 0.35 |
| Peptic ulcer | 0.37 |
| Depression | 0.45 |
| Stature* | 1.00+ |

این بررسی مختصر موجب روشن شدن این موضوع شد که مولفه های تشکیل دهنده واریانس قابل تخمین زدن هستند و برای یک خصوصیت کمی داده شده واریانس کل به طور مستقیم قابل اندازه گیری است.

اگر ژنوتیپ های یکسان مورد استفاده قرار گیرند مولفه محیطی واریانس حذف خواهد شد.

با در نظر گرفتن همبستگی بین خویشاوندان مختلف می توان به طور مستقیم ارث پذیری محدود را

اندازه گیری کرد. اگر ارث پذیری و واریانس فنوتیپیک کل معلوم باشند و هیچ اندرکنش خاصی وجود نداشته

باشد هر چه باقی می ماند مربوط به مولفه های غالب بودن و اپیستازی خواهد بود. به طور معمول در عمل از

مولفه های اپیستازی صرفنظر می کنیم در نتیجه چیزی که باقی می ماند واریانس غالب بودن است که از تفاضل

بین واریانس ژنوتیپیک کل و *additive* حاصل می شود.

پرورش دهندگان. حیوانات و گیاهان از تکنیک های استاتیکی پیچیده ای شامل آنالیز های واریانس و

کوواریانس استفاده می کنند که فراتر از مجال این کتاب است.



Olympiad.roshd.ir