

*Эта часть работы выложена в ознакомительных целях. Если вы хотите получить работу полностью, то приобретите ее воспользовавшись формой заказа на странице с готовой работой:*

<https://stuservis.ru/referat/98605>

**Тип работы:** Реферат

**Предмет:** Генетика

Введение 3

Генетика популяций 5

Популяционно-статистический метод генетики человека 8

Заключение 15

Список литературы 16

## Введение

Бурное развитие генетических исследований началось в XX веке. Благодаря успехам микроскопической техники к этому времени стало известно детальное строение клетки, обнаружены закономерности образования гамет, выявлены хромосомы, являющиеся особыми структурами в ядре клетки, число и набор которых являются стабильными в клетках организмов одного вида и отличаются от клеток организмов других видов. К этому времени уже было обнаружено деление клеток – митоз, которое характеризуется точным распределением удвоившихся хромосом родительских клеток к дочерним клеткам.

Методы популяционной генетики используются органами здравоохранения в целях обеспечения медицинских, медикаментозных и диагностических потребностей населения. Данные популяционной генетики применяют для расчета коечного фонда в практическом здравоохранении, количества необходимых специалистов, необходимости финансов, направляемых на организацию лечебно-профилактической помощи при различных заболеваниях.

Популяционно-статистический метод позволяет проводить изучение наследственных признаков в больших группах населения, в одном или нескольких поколениях.

Статистическая обработка получаемых данных является существенным моментом при использовании этого метода. Этот метод позволяет рассчитывать частоту встречаемости различных аллелей гена и разных генотипов по этим аллелям в популяции, выяснять распространение в ней различных наследственных признаков, в том числе различных заболеваний. Этот метод обеспечивает возможность изучения мутационного процесса, роли в формировании фенотипического полиморфизма человека по нормальным признакам наследственности и среды, а также значение этих факторов в возникновении болезней, особенно с наследственной предрасположенностью.

Этот метод можно также применять в целях определения роли генетических факторов в антропогенезе, в частности в образовании рас. Выбор способа применения популяционно-статистического метода определяется целью исследования.

Целью работы является изучение популяционно-статистического метода.

В рамках поставленной цели решаются следующие задачи:

- проанализировать научную литературу по популяционной генетике;
- изучить популяционно-статистический метод генетики;
- определить значение популяционно-статистического метода в изучении генетики человека.

## Генетика популяций

При изучении распространенности генов на определенных территориях было установлено, что гены в этом отношении можно разделить на две категории:

- гены, имеющие универсальное распространение (большинство известных генов относится к их числу)
- гены, встречающиеся сугубо локально, по большей части в определенных районах; в списке таких генов можно обнаружить, например, ген серповидноклеточной анемии и ген, определяющий возникновение врожденного вывиха бедра.

Статистическая обработка материала, который получен при исследовании групп населения по интересующему целевому признаку, для выявления генетической структуры популяции основывается на законе генетического равновесия Харди – Вайнберга.

Метод популяционной статистики дает возможность для выявления закономерностей распределения в

популяциях генов и генотипов. Такая закономерность в 1908 году независимо друг от друга была определена английским математиком Дж. Харди и немецким врачом В. Вайнбергом. Этот закон справедлив для «идеальных популяций», отвечающих следующим требованиям:

- популяция должна иметь достаточно большие размеры;
- спаривание происходит хаотичным образом;
- мутационный процесс отсутствует;
- особи с любыми генотипами имеют одинаково хорошую плодовитость;
- миграция особей отсутствует.

В естественных условиях невозможно найти идеальную популяцию. В эволюционном процессе осуществляется непрерывная замена одних генотипов на другие путем изменения численного соотношения качественно различающихся генотипов в популяции. В панмиктической популяции равновесие генотипов, описанное Харди и Вайнбергом и основывающееся на сохранении относительных частот генов, под воздействием ряда постоянно действующих факторов изменяется. К таким факторам относятся отбор, мутационный процесс, изоляция, изменение численности и ряд других. Все это может свидетельствовать о том, что к реальным популяциям закон Харди и Вайнберга неприменим.

Однако при определенных условиях (миграционные процессы, во время которых приток и отток генов становится взаимно уравновешенным; высокая популяционная численность; мутационные процессы, уравновешенные отборы и т.п.) природные популяции могут проявлять себя в качестве идеальных.

В законе Харди-Вайнберга отмечены два основных положения:

- в идеальных популяциях сумма частот аллелей одного гена является величиной постоянной:  $p + q = 1$ , где  $p$  – частота доминантного аллеля,  $q$  – частота рецессивного аллеля;
- в идеальной популяции сумма частот доминантных гомозигот, гетерозигот и рецессивных гомозигот постоянна:  $p^2 + 2pq + q^2 = 1$ , где  $p^2$  – частота доминантных гомозигот,  $2pq$  – частота гетерозигот,  $q^2$  – частота рецессивных гомозигот.

В законе Харди-Вайнберга отражена закономерность, в соответствии с которой соотношение аллелей генов и генотипов в генофонде популяции при определенных условиях сохранено в ряду поколений данной популяции без каких-либо изменений.

Имея данные о частоте встречаемости в популяции рецессивного фенотипа, обладающего гомозиготным генотипом ( $aa$ ), основываясь этого закона возможно рассчитать частоту встречаемости в генофонде данного поколения определенного аллеля ( $a$ ).

Перенеся данные сведения на ближайшие поколения, можно предсказать в них частоту появления людей с рецессивным признаком, а также выяснить процент гетерозиготных носителей рецессивного аллеля.

1. Алтухов Ю.П. Генетические процессы в популяциях. - М.: Наука, 2003 - 370 с.
2. Баранов, В. С. Геном человека и гены «прерасположенности»: (Введение в предиктивную медицину) / В.С. Баранов, Е. В. Баранова, Т. Э. Иващенко, М. В. Асеев. - СПб.: Интермедика, 2000. - 272 с.
3. Заяц Р.Г., В.Э. Бутвиловский, И.В. Рачковская, В.В. Давыдов; Рец.: А.С. Леонтьев, В.П. Андреев, Г.А. Писарчук: Общая и медицинская генетика. - Ростов н/Д: Феникс, 2002
4. Фишер, Р. Генетическая теория естественного отбора: пер. с англ. – М. Ижевск: Институт компьютерных исследований, 2011.
5. Хедрик, Ф. Генетика популяций. М.: Техносфера, 2003.

*Эта часть работы выложена в ознакомительных целях. Если вы хотите получить работу полностью, то приобретите ее воспользовавшись формой заказа на странице с готовой работой:*

<https://stuservis.ru/referat/98605>