

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ  
ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
«ВОЛГОГРАДСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ МЕДИЦИНСКИЙ  
УНИВЕРСИТЕТ» МИНИСТЕРСТВА ЗДРАВООХРАНЕНИЯ  
РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

Медико-биологический факультет

Кафедра Молекулярной биологии и генетики

РЕФЕРАТ

по дисциплине «Методы и объекты генетического анализа»

Тема:

«Генетическое расстояние.»

Студентка гр. 301 \_\_\_\_\_ Ржевская А.Э.

Преподаватель \_\_\_\_\_ Замарин А.А.

Волгоград – 2021

## СОДЕРЖАНИЕ

1. Введение.	3
2. Генетическое расстояние.	4
3. Меры генетического расстояния	6
3.1. Индекс фиксации.	6
3.2. Стандартное генетическое расстояние Нея	8
3.3. Расстояние между аккордами Кавалли- Сфорца	10
3.4. Генетическая дистанция Рейнольдса, Вейра и Кокерхема	11
4. Заключение.	12
5. Список литературных источников.	13

## 1. Введение.

Популяции, находящиеся в репродуктивной изоляции (обычно вследствие географической изолированности), постепенно приобретают генетические особенности. Главной причиной возникновения особенностей служат различающиеся селекторы разных сред обитания (или давление отбора, обусловленное этими селекторами). Иногда часть популяции перемещается на другую территорию или становится изолированной от оставшейся популяции из-за подъема уровня вод, смещения русла рек, оледенений, образования пустынь или по другим причинам. Тогда, при условии, что некоторые индивиды этой изолированной популяции оказались немного генетически отличными от остающихся в исходной популяции, вероятнее всего, вся изолированная популяция станет еще более генетически отличной от родительской.

Для определения насколько именно два индивидуума или две популяции различны и нужно генетическое расстояние.

## 2. Генетическое расстояние.

Генетическое расстояние (дистанция) — мера генетической различия (дивергенции) между видами, подвидами, или популяциями одного вида. Малая генетическое расстояние означает генетическое сходство, большое генетическое расстояние означает отдаленное генетическое сходство.

Генетическая дистанция полезна для реконструкции истории популяций. Например, данные о генетической дистанции предполагают, что люди Африки к югу от Сахары и Евразии расходились примерно 100000 лет назад. Генетическая дистанция также используется для понимания происхождения биоразнообразия. Например, часто исследуются генетические расстояния между разными породами домашних животных, чтобы определить, какие породы следует защищать для сохранения генетического разнообразия.

Существует много параметров, используемых для измерения генетического расстояния. В простейшем случае генетическое расстояние между двумя популяциями одного вида может быть определено как разница в частотах определенного признака. Например, частота резус-отрицательных людей составляет 50,4 % среди басков, 41,2 % во Франции и 41,1 % в Великобритании. Генетическое расстояние между басками и французами составляет 9,2 %, генетическое расстояние между французами и британцами составляет 0,1 % для признака резус-отрицательный. Генетическое расстояние по нескольким признакам может быть усреднено для вычисления полного генетического расстояния.

Все люди имеют одни и те же гены, например, все имеют ген, определяющий цвет глаз, но каждый ген в среднем имеет 14 различных последовательностей нуклеотидов, называемых «аллелями». Для определения генетического расстояния между двумя индивидами можно подсчитать число аллелей, которые у них различаются. В случае популяций

подсчитывается число индивидов в каждой из них, имеющих определенные аллели (предпочтительно использовать большое число аллелей для повышения точности), и результаты выражаются математически. Если индивид имеет близнеца, его аллели будут идентичны аллелям его близнеца и генетическое расстояние между ними будет равно нулю. Если другой индивид является ребенком, одинаковой будет, по крайней мере, половина аллелей. (Если его другой родитель имеет некоторые аллели, общие с партнером, у ребенка будет больше половины партнерских аллелей.) Если брак является кровосмесительным, число общих с родительскими аллелей у детей будет выше, чем когда родители не состоят в родстве. Число общих аллелей в целом ниже у двоюродных братьев и сестер, еще ниже у не связанных родством представителей одного этноса или расы, и еще ниже у представителей разных рас и разных биологических видов, и оно продолжает снижаться по мере удаления от последнего общего предка (LCA) человека и других видов.

### 3. Меры генетического расстояния.

Существует несколько способов измерения генетического расстояния:

#### 3.1 Индекс фиксации

Это общепринятый метод определения генетического расстояния. Он принимает минимальное значение 0 и максимальное 1. Значение 0 говорит о генетической идентичности, а величина 1 говорит о том, что две популяции являются разными видами.

Согласно неodarвинистской концепции, новый вид возникает в результате дифференциации любой популяции, относится к нему; точнее говоря, происходит постепенная дивергенция на уровне генофонда этой популяции и вида в целом. В основе этой дивергенции лежит постепенная замена одних аллелей определенных генов на другие. В процессе дивергенции двух популяций все меньшее количество генов имеет аллели, которые встречаются в обеих популяциях. Когда же закончится процесс образования нового вида, для всех генов существуют аллели, характерные только для одной из популяций. При этом генетическое расстояние становится равным единице и новый вид с морфологической точки зрения становится отличным от исходного. На практике для расчетов генетического расстояния определяют частоту встречаемости в каждой популяции различных форм ряда белков (при этом необходимо, чтобы количество исследуемых белков было достаточным). Число этих форм для каждого конкретного белка соответствует числу аллелей гена, кодирующего данный белок. Расчет производится следующим образом. Представим себе, что для какого-то гена G существует  $i$  разных аллелей (1, 2, 3 и т. Д.). В популяции A эти аллели встречаются с частотой  $a_1, a_2, a_3 \dots$ . В популяции B эта частота соответствует  $b_1, b_2, b_3 \dots$ . Исходя из этого, можно вычислить степень

генетического сходства данных популяций по данному

$$I = \frac{\sum a_i b_i}{\sqrt{\sum a_i^2 \sum b_i^2}}$$

гену:

Это уравнение дает возможность вычислить нормализованную вероятность того, что два аллеля из разных популяций будут идентичными. Если провести подобные расчеты для  $n$  генов, принадлежащих обоим популяциям, то можно будет вычислить среднюю арифметическую величину для каждого из этих генов. Обозначим  $I_a$  и  $I_b$ . Можно также рассчитать величины  $\sum a_i^2$  (обозначим ее  $\sum a_i^2$ ) и  $\sum b_i^2$  (обозначим ее  $\sum b_i^2$ ). В этом случае генетическое сходство между двумя популяциями будет описываться

$$I = \frac{I_{ab}}{\sqrt{I_a I_b}}$$

уравнением:

Генетическое расстояние ( $D$ ) будет исчисляться по следующей формуле:  $D = -\ln I$

Если генетическое расстояние составляет 0,62 (именно такое расстояние между человеком и шимпанзе), то из 100 генов, принадлежащих генофонда обоих видов, 62 (то есть примерно 2/3) имеют аллели, принадлежащих только одному из них. Если же генетическое расстояние между двумя популяциями составляет 1, то 100% генов этих популяций имеют аллели, принадлежащие к одному из них. Такое расстояние соответствует завершению постепенной дивергенции популяции исходного вида и окончательному отделению нового вида. Степень генетического различия между двумя подвидами, относятся к одному виду, соответствует генетическому расстоянию, равном 0,17 - 0,22. Генетическое расстояние между двумя видами-близнецами (т.е. популяциями, которые не отличаются по морфологическим признакам, но не является способными к скрещиванию) составляет 0,50-0,60.

### 3.2 Стандартное генетическое расстояние Нея

В 1972 году Масатоши Неи опубликовал то, что стало известно как стандартное генетическое расстояние Нея. У этого расстояния есть приятное свойство: если скорость генетических изменений (замены аминокислот) постоянна в течение года или поколения, то стандартное генетическое расстояние Нея ( $D$ ) увеличивается пропорционально времени дивергенции. Эта мера предполагает, что генетические различия вызваны мутацией и генетическим дрейфом.

$$D = -\ln \frac{\sum_{\ell} \sum_u X_u Y_u}{\sqrt{\left(\sum_u X_u^2\right) \left(\sum_u Y_u^2\right)}}$$

Это расстояние также можно выразить с помощью среднего арифметического идентичности гена. Пусть будет вероятностью для двух членов популяции, имеющей один и тот же аллель в определенном локусе, и будет соответствующей вероятностью в популяции. Кроме того, пусть будет вероятность того, что член и член имеют один и тот же аллель. Теперь, и представляют собой среднее арифметическое из, и по всем локусам, соответственно. Другими словами:

$$j_X X j_Y Y j_{XY} XY J_X J_Y J_{XY} j_X j_Y j_{XY}$$



$$J_X = \sum_u \frac{X_u^2}{L}$$

$$J_Y = \sum_u \frac{Y_u^2}{L}$$

$$J_{XY} = \sum_\ell \sum_u \frac{X_u Y_u}{L}$$

где - общее количество исследованных локусов. <sup>[8]</sup> $L$

Стандартное расстояние Нея тогда можно записать как <sup>[5]</sup>

$$D = -\ln \frac{J_{XY}}{\sqrt{J_X J_Y}}$$

### 3.3 Расстояние между аккордами Кавалли-Сфорца

В 1967 году Луиджи Лука Кавалли-Сфорца и AWF Edwards опубликовали эту меру. Предполагается, что генетические различия возникают только из-за генетического дрейфа. Одним из основных преимуществ этой меры является то, что популяции представлены в гиперсфере, масштаб которой составляет одну единицу на замену гена. Расстояние по хорде в гиперпространственной сфере определяется выражением

$$D_{CH} = \frac{2}{\pi} \sqrt{2 \left( 1 - \sum_{\ell} \sum_u \sqrt{X_{\ell} Y_u} \right)}$$

Некоторые авторы опускают множитель, чтобы упростить формулу за счет потери свойства, что масштаб составляет одну единицу на замену гена

### 3.4 Генетическая дистанция Рейнольдса, Вейра и Кокерхема

В 1983 году этот показатель был опубликован Джоном Рейнольдсом, Брюсом Вейром и К. Кларком Кокерхэмом . Эта мера предполагает, что генетическая дифференциация происходит только путем генетического дрейфа без мутаций. Он оценивает коэффициент *coancestry*, который обеспечивает меру генетической дивергенции

$$\Theta_w = \sqrt{\frac{\sum_{\ell} \sum_u (X_u - Y_u)^2}{2 \sum_{\ell} \left( 1 - \sum_u X_u Y_u \right)}}$$

#### 4. Заключение.

Генетическое расстояние это важный показатель, который обнаружил и изучил человек. Благодаря репродуктивной изоляции, среда обитания меняет организм полностью как внешне, так и внутренне. Изучение генетических расстояний у этих индивидуумов возможно получить информацию как для такой науки как генетика , так и для науки история. Большое разнообразие способов измерения расстояния доказывает популярность востребованности данного показателя.

5. Список литературных источников:

<https://ours-nature.ru/lib/b/book/3190518629/11>

[https://info-farm.ru/alphabet\\_index/g/geneticheskoe-rasstoyanie.html](https://info-farm.ru/alphabet_index/g/geneticheskoe-rasstoyanie.html)

[https://hmong.ru/wiki/Genetic\\_distance](https://hmong.ru/wiki/Genetic_distance)

[https://ru.wikipedia.org/wiki/Генетическое\\_расстояние](https://ru.wikipedia.org/wiki/Генетическое_расстояние)