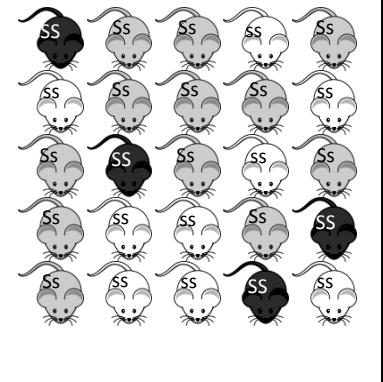


POPULACJA		PULA GENOWA	
		S S S s S s s s S s	
		s s S s S s S s s s	
		S s S S S s s s S s	
		S s s s s s S s S S	
		S s s s s s S S s s	
skład	częstość względna genotypów	skład	częstość względna alleli
4 osobniki SS 12 osobników Ss 9 osobników ss	D = 0,16 H = 0,48 R = 0,36	20 alleli S 30 alleli s	p = 0,40 q = 0,60
25 ogółem	1,00	50 ogółem	1,00

D – ang. *dominant*, H – ang. *heterozygous*, R – ang. *recessive* = prawdopodobieństwo losowego wyboru z populacji osobnika o danym genotypie


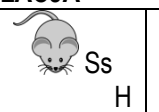
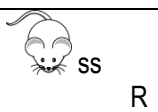

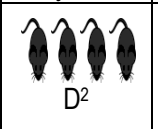

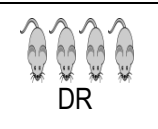
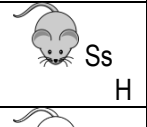
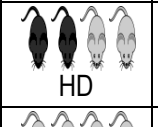
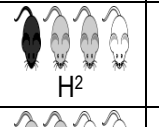

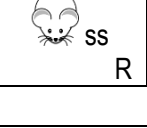
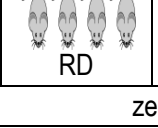
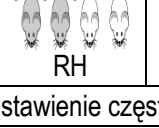
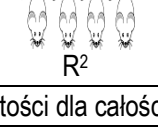
**Tab. 1.** Skład populacji, w której istnieją 2 różne allele jednego genu. SS oznacza czarną, Ss – szarą, a ss – białą barwę sierści myszy. W rzeczywistej populacji allele połączone są w pary (genotypy), ale w puli genowej traktowane są niezależnie od siebie (gamety).

**Obliczanie częstości alleli p i q:**

$$p = \frac{2x \text{ ilość homozygot dominujących} + \text{ilość heterozygot}}{2x \text{ wielkość populacji}} = \frac{\text{ilość homozygot dominujących} + \frac{1}{2} \text{ ilość heterozygot}}{\text{wielkość populacji}} = \frac{4 + 6}{25} = 0,4$$

$$q = \frac{2x \text{ ilość homozygot recesywnych} + \text{ilość heterozygot}}{2x \text{ wielkość populacji}} = \frac{\text{ilość homozygot recesywnych} + \frac{1}{2} \text{ ilość heterozygot}}{\text{wielkość populacji}} = \frac{9 + 6}{25} = 0,6$$

$$p + q = 1, \text{ czyli } 100\%$$

A				B		
POPULACJA				PULA GENOWA		
	 SS częstość: D	 Ss H	 ss R		S	s
	częstość: D	H	R	częstość: p	q	
 SS częstość: D	 D <sup>2</sup>	 DH	 DR	S	SS	Ss
 Ss H	 HD	 H <sup>2</sup>	 HR	s	Ss	ss
 ss R	 RD	 RH	 R <sup>2</sup>	q		
zestawienie częstości dla całości potomstwa						
czarne: D <sup>2</sup> + ½ DH + ½ HD + ¼ H <sup>2</sup> = (D + ½ H) <sup>2</sup>				czarne: p <sup>2</sup>		
szare: ½ DH + DR + ½ HD + ½ H <sup>2</sup> + ½ HR + RD + ½ RH = 2(D + ½ H)(R + ½ H)				szare: pq + pq = 2pq		
białe: ¼ H <sup>2</sup> + ½ HR + ½ RH + R <sup>2</sup> = (R + ½ H) <sup>2</sup>				białe: q <sup>2</sup>		
formuła Hardy'ego-Weinberga:				SS : Ss : ss p <sup>2</sup> : 2pq : q <sup>2</sup>		

**Tab. 2.** Wprowadzenie prawa Hardy'ego-Weinberga

**A:** Populacja rodzicielska składa się z osobników o genotypach SS, Ss i ss, kojarzących się losowo. Prawdopodobieństwo każdego typu kojarzenia wynika z częstości uczestniczących w nim genotypów (D, H, R). W tabeli przedstawiono możliwości genotypowego składu potomstwa poszczególnych kojarzeń. Przez zsumowanie oczekiwanych częstości poszczególnych genotypów każdego kojarzenia (komórek tabeli) otrzymuje się ich częstości w potomstwie.

**B:** Rodzicielska pula genowa składa się z alleli S i s, występujących w populacji z częstością odpowiednio p i q. Allele łączą się przypadkowo i tworzą genotypy potomstwa. Częstości genotypów potomstwa otrzymuje się z iloczynu częstości genów S i s.

**Obliczanie częstości genotypów:**

z ilości osobników w populacji rodzicielskiej	z częstości alleli w puli genowej populacji
SS: 4/25 = 0,16	SS: p <sup>2</sup> = 0,4 <sup>2</sup> = 0,16
Ss: 12/25 = 0,48	Ss: 2pq = 2x0,4x0,6 = 0,48
ss: 9/25 = 0,36	ss: q <sup>2</sup> = 0,6 <sup>2</sup> = 0,36

$$p^2 + 2pq + q^2 = (p + q)^2 = 1, \text{ czyli } 100\% (0,16 + 0,48 + 0,36 = 1,0)$$