

Genetik Arařtırmalarda Nümune Geniřliđinin Hesaplanması

İsmet BAYSAL(1)

Ö Z E T

"Genetik ve ıslah alıřmalarında populasyon geniřliđinin hesaplanmasında kullanılan Mather'in tam logaritmik formülü ile Muller'in yaklařık formülü misallerle izah edildi. İki ve üç gen çifti tarafından kontrol edilen ve resessif bir karakteri taşıyan ferdi F_2 açılmalarında % 99 ihtimalle elde edilebilmek için yetiřtirilmesi gereken fert sayısının hesaplanması yapıldı.

Yaklařık formülün nasıl çıkarıldıđı ve tam logaritmik formülle mukayeseleri yapılarak her iki formülün ařađı yukarı aynı neticeleri verdiđi gösterildi."

GİRİŐ

Birok tatbiki ve teorik ıslah alıřmalarında ve bazı genetik arařtırmalarda, müşahade edilecek nümune-nin geniřliđi önemli bir faktördür. Meselâ genotipleri bilinen ebeveynlerin melezlenmesi neticesi ortaya çıkan dölllerdeki gen kombinasyonlarının dađılıő oranlarında olduđu gibi . İřçiliđi, zamanı ve araziyi normal kullanabilmek için yapılacak melezleme, yetiřtirilecek ve teste tabi tutulacak döl miktarını ve % 95-99 ihtimalle bir veya daha fazla miktarda istenilen genetik kombinasyonları taşıyan fertleri elde edebilmek arzu edilen bir husustur.

Arařtırma yapan bir kimse, birok defalar az bir nümune üzerinde alıřarak bir netice elde etmesi mümkünken, pekok bitkide kendileme veya kontrol melezlemesi yapacak böylece istenilenden ok fazla sayıda döl yetiřtirmiş olacaktır. Diđer taraftan, arař-

tırcı eđer böyle bir denemeyi nasıl planlayacađı hakkında herhangi bir malumatı yoksa, arzu edilen kombinasyonları elde edebilmek için yeteri kadar geniř bir populasyonu yetiřtirmeyebilir.

G.B. Mainland ve J. F. Crow (1951) müstakil olarak ve farklı metodlarla istenilen ihtimal seviyesinde yetiřtirilmesi veya teste tabi tutulması gerekli olan fert sayısını hesap etmek için bir formül geliřtirdiler . Geliřtirdikleri bu formülle sadece H.J. Muller'in 1923 yılında neřredilen approximate formülünü keřfetmiş oldular.

Bu yazımızda, Mainland'ın formülü ile onun matematik olarak izahı ve Mather (1963) in ıkardıđı tam logaritmik formülü ile bu formüllerin verilen misallere tatbikatı gösterilecektir.

Mainland tarafından neřredilen Muller formülünün biraz deđiřik řekli tatbik edilmesi en kolay olamıdır.

(1) Ziraat Fakóltesi Tarla Bitkileri Bölümü, Dr. Asistan

$$n = k (r + \lceil 1/2 \rceil)$$

burada n yetiştirilmesi veya teste alınması istenen fert sayısı, $k = \log_e(1-p)$, burada p istenen ihtimal seviyesi, $r = a/b$; buradaki oranda a = genetik kombinasyonlarda teorik olarak arzu edilmeyen fertlerin miktarı, b ise teorik olarak arzu edilen fertlerin miktarıdır.

Yukarıda yapılan açıklamalara göre muhtelif ihtimal seviyelerine göre k değerini hesap etmek mümkündür. Burada sadece bazı ihtimal seviyeleri tablo 1 de verilmektedir. Ayrıca bir veya daha fazla gen veya gen çiftlerinin meydana getirdiği arzu edilen kombinasyonları havi fertleri temin için lüzumlu fert sayısı için hazırlanmış tablolar Mainland ve Mather tarafından verilmektedir.

İslah programında formülü kullanarak muhtelif ihtimal seviyeleri ve genetik oranlar için populasyon genişliklerinin nasıl hesaplandığını bu konu ile yakın alakası olmayanlar için bir misalle açıklayalım.

Problem: Genotipleri AA bb ve aa BB olan iki ebeveynle işe başlayıp aabb genotipini islah programının ilk adımında % 99 ihtimalle elde etmek isteyelim. Burada A ve B genlerinin tesadüfi olarak açıldığı bilindiğine göre, yukarıda genotipleri bilinen ebeveynlerin aralarında yapılan bir melezleme neticesi F_2 deki açılmalarda arzu edilen aabb genotipindeki fertlerin nisbeti $1/16$ ve geriye kalan $15/16$ nisbetindeki fertler ise arzu edilmeyen genotipte olacaklardır. Buna göre,

$$r = 15$$

ve % 99 ihtimal seviyesi seçildiğine göre $k = 4.6$

Bu değerleri eşitlikte yerine koyarsak

$$n = k (r + 1/2), \text{ buradan}$$

$$n = 4.6 \times (15 + 1/2) \text{ veya}$$

$$n = 4.6 \times 15.5, \text{ ve}$$

$$n = 71.3$$

Buna göre F_2 döllerinde % 99 ihtimalle bir veya daha fazla aabb genotipinde bir fert elde edebilmek için 72 (71.3) adet F_2 dölü yetiştirmek icap etmektedir.

Formülün Matematik İzahı

Genetik ve islahla ilgili literatürlerde Müller'in yaklaşık formülü ile Mather'in binominal teoremden ortaya koyduğu tam logritmik formülün esassından pek bahsedilmediğinden burada sıra ile her iki eşitlikten bahsetmek faydalı olabilir.

Müller'in metodunda:

a = Populasyonda arzu edilmeyen tiplerin teorik nisbeti (fenotip veya genotip),

b = Arzu edilenlerin teorik nisbeti, buna göre $a + b = 1$ (2) ve $r = a/b$, (3)

n = Yetiştirilecek veya teste tabi tutulacak fert sayısı,

p = Nüme genişliği n olan bir grupta arzu edilen genotipten bir veya daha fazla sayıda bulunma ihtimali,

q = Nüme genişliği n olan bir grupta istenmeyen fertlerin bulunma ihtimali,

Buna göre, $p + q = 1$, (4)

ve $(a + b)^n - a^n = p$, yahut (5)

$1 - a^n = p$, veya (6)

$a^n = 1 - p$ (7)

Burada n değerini hesaplayabilmek için 7 deki eşitliği logaritmik şekle çevirmek icap eder.

$$n \log a = \log (1 - p) \text{ veya (8)}$$

$$n = \frac{\log (1 - p)}{\log a}, \quad (9)$$

$$n = \frac{\log q}{\log a} \quad (10)$$

Eğer n değerini p ve b değerlerinden bulmak istenirse, burada; p arzu edilen genotipi elde edebilme ihtimali ve b ise arzu edilen genotipin teorik nisbeti buna göre eşitlik 10,

$$n = \frac{\log (1 - p)}{\log (1 - b)} \quad (11)$$

şeklinde yazılır.

(Burada 10 ve 11 rinci eşitlikler istenilen herhangi bir ihtimal seviyesine göre n değerinin hesaplanabileceği tam logaritmik metodudur.).

Sonra :

$$a = 1 - b, \text{ veya (bak 2)}$$

$$a = \frac{r}{r+1} \quad (12)$$

Çünkü :

$$a = \frac{a (1/b)}{1/b} \quad (13)$$

$$a = \frac{a/b}{1/b} \quad (14)$$

Ayrıca

$$a = \frac{r}{\left(\frac{a+b}{b}\right)} \text{ (eşitlik 3 ten) (15)}$$

$$a = \frac{r}{\frac{a}{b} + 1} \text{ (eşitlik 3 ten) (16)}$$

$$a = \frac{r}{r+1}$$

Eşitlik 10 da veya 11 de a yerine veya

$$1-b \text{ yerine } \frac{r}{r+1} \text{ yazarak,}$$

$$n = \frac{\log (1 - p)}{\log \left(\frac{r}{r+1}\right)} \quad (17)$$

eşitlik 17 yi naturel logaritmaya çevirirsek,

$$n = \frac{\log_e (1-p)}{\log_e \left(\frac{r}{r+1}\right)} \text{ veya (18)}$$

$$n = \frac{\log_e (1 - p)}{-\log_e \left(\frac{(r+1)}{r}\right)} \text{ veya (19)}$$

$$n = \frac{-\log_e (1 - p)}{\log_e (1 + 1/r)} \quad (20)$$

Eşitlik 20 deki,

$$-\log_e (1 - p) = k \text{ dersek}$$

$$n = k \left[\frac{1}{(\log_e (1 + 1/r))} \right] \quad 21$$

Burada $1/r$ ye X dersek eşitlik 2 nin paydası standart form olan $\log_e (1+X)$ olur ki bu da kuvvet serisi $X - \frac{X^2}{2} + \frac{X^3}{3} - \frac{X^4}{4} + \frac{X^5}{5} - \frac{X^6}{6}$

... ya muadildir. Buradan eşitlik 21 ri tekrar yazarsak

$$n = k \frac{1}{\frac{1}{r} - \frac{1}{2r^2} + \frac{1}{3r^3} - \frac{1}{4r^4} + \frac{1}{5r^5} \dots} \quad (22)$$

Burada 1 ri kuvvet serisine bölersek,

$$n = k \left[r + \frac{1}{2} - \frac{1}{12r} + \frac{1}{24r^2} - \frac{19}{720r^3} \dots \right] \quad (23)$$

Eşitlik 23 deki kuvvet serileri birbirine yaklaşan değerler olup büyük r değerleri ile $r+1/2$ limitine ulaşır. Burada üçüncü ve ondan sonra gelen terimlerin işaretleri değişik olduğundan pratik gayeler için nazari dikkate alınmayabilir. Böylece eşitlik 23 aşağıdaki şekilde yeniden yazılabilir.

$$n = k (r + 1/2)$$

Tablo: 1- İhtimal seviyeleri ve bunlara tekabül eden k değerleri.

Arzu edilen tiplerin ihtimal değerleri	k değerleri
% 85	1.80
% 90	2.30
% 95	3.00
% 98	3.91
% 99	4.61
% 99.5	5.30
% 99.9	6.91

Yukarıda verilen Matherın tam logaritmik formülü ile Müller'in yaklaşık formülünü bir misalde uygularsak.

Problem : Müstakil 3 gen çifti tarafından kontrol edilen ve gen çiftlerinde dominantlığın tam olduğu genetik bir açılmada fenotiplerin oranı 63 : 1 olarak beklenir. F₂ generasyonunda % 99 ihtimalle her üç geni homozigot resesif olarak taşıyan bir fert elde edebilmek için müşahadeye alınması icapeden nümune sayısı ne olmalıdır ?

a) Mather'in tam logaritmik formülü ile,

$$n = \frac{\log q}{\log a} = \frac{\log 01}{\log (63/64)} = \frac{-2.00000}{-0.00684} = 292.4$$

Formülde :

a = Arzu edilmeyen fertlerin teorik nisbeti,

q = Arzu edilmeyen fertlerin nümunedede bulunma ihtimali,

b) Muller'in yaklaşık formülü ile

$$n = k(r+1/2) = 4.6(63.5) = 292.1$$

bulunur.

Netice ve Münakaşa

Müller metodunda k değerleri bilindikten sonra logaritma kullanılır

madan n değerini hesaplamak mümkündür. Genellikle genetik ve ıslah çalışmalarında % 95-99 ihtimal seviyeleri kullanıldığı nazarı dikkate alınırsa bu ihtimaller için bulunan k değerleri diğer genetik oranlar için kolayca kullanılabilir. (Tablo: 2). Mather'in tam logaritmik formülünde olduğu gibi n değerini hesaplamada log a için logaritma cetveleine bakmak lüzumu vardır. Muller formülünde buna ihtiyaç yoktur.

Tablo: 2- Muhtelif genetik açılımlarda yetiştirilmesi veya teste tutulması icap eden döllerin % 95 ve 99 ihtimal seviyelerindeki miktarları (1)

Açılma oranları	İhtimal seviyesi	
	% 95	% 99
3 : 1	10.5	16.1
7 : 1	22.5	34.6
8 : 1	25.5	39.2
15 : 1	46.5	71.5
35 : 1	106.5	163.7
63 : 1	190.5	292.7
255 : 1	766.5	1177.9

(1) Miktarlar yaklaşık formüle göre hesaplandı.

k değeri % 95 ihtimal seviyesi için 3.00
k değeri % 99 ihtimal seviyesi için 4.61
olarak alındı.

LİTERATÜR

Mainland, G. B. 1951. Muller's Method of calculating population size. Jour. of. Heredity 42: 237-240.

Mather, K. 1963. Measurement of linkage in Heredity. John Wiley. Sons İnç.. New York (Reprint)

Muller. H. J., 1923. A simple formula giving the number of individuals required for obtaining one of a given frequency. Amer. Nat. 57: 66-73.