



Взаимодействие неаллельных генов: от Менделя к сложным соотношениям

Как два гена вместе меняют фенотип

Два гена — один признак

Один признак может зависеть сразу от двух локусов. Если гены взаимодействуют, привычное менделевское расщепление меняется, и по новому соотношению в F2 можно определить тип наследования.



Что такое взаимодействие неаллельных генов

Разные локусы

Неаллельные гены находятся в разных локусах, поэтому обозначения А/а и В/в относятся к разным парам аллелей и могут совместно влиять на один признак.

Совместная работа

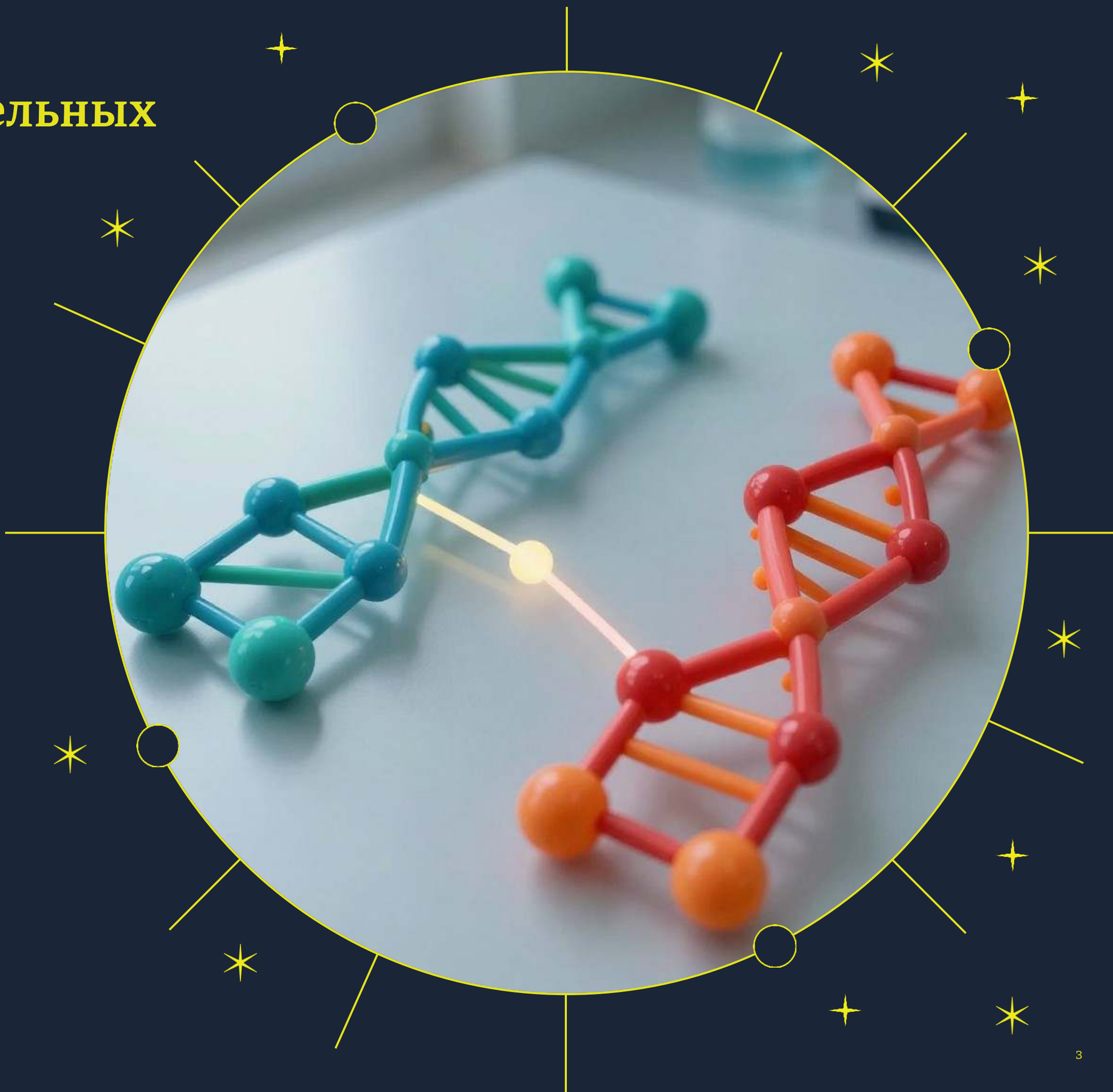
Их продукты часто работают как звенья одной биохимической цепи: один запускает процесс, другой продолжает его, усиливает или, наоборот, блокирует.

Слияние классов

Когда несколько генотипов дают одинаковый фенотип, классы F₂ объединяются, и расщепление становится отличным от 9:3:3:1.

Цель анализа

Главная задача темы — по фенотипическому соотношению распознать тип взаимодействия и восстановить логику признака.



Напоминание: дигибридное скрещивание и 9:3:3:1

1. Два гена

В дигибридном скрещивании $AaBb \times AaBb$ каждый родитель образует четыре типа гамет, если пары аллелей расходятся независимо.

2. Комбинации

Комбинации гамет при слиянии образуют в F2 шестнадцать генотипических вариантов, которые при отсутствии взаимодействия распределяются по четырём фенотипическим классам.

3. Базовый эталон

Классическое менделевское расщепление для такого случая — 9:3:3:1, и оно служит отправной точкой для сравнения.

4. Отклонения

Любое отклонение от этой схемы подсказывает, что один из генов влияет на проявление другого или оба участвуют в общем пути.



Почему классическая схема изменяется

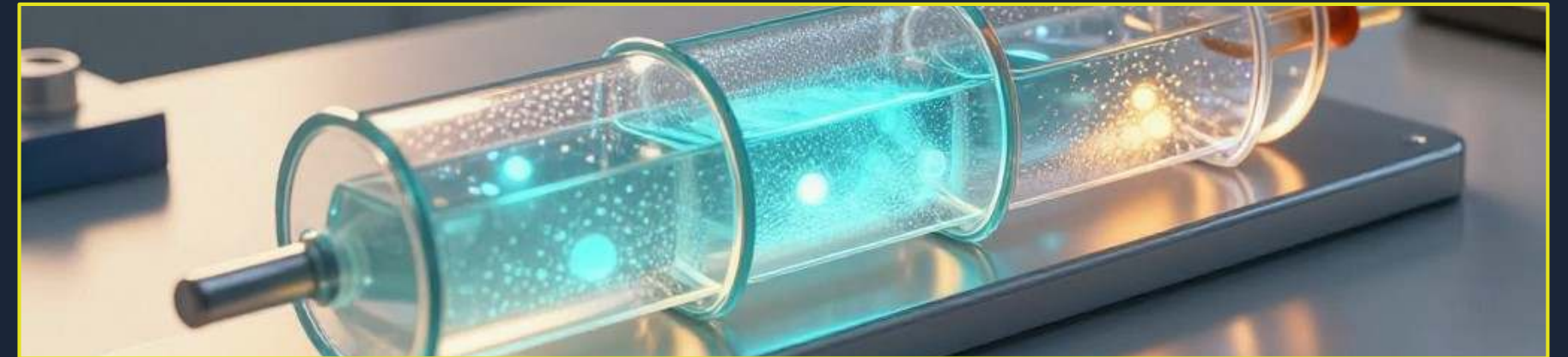
Биохимическая цепь

Представьте цепочку, где первый фермент создаёт промежуточный продукт, а второй превращает его в конечный пигмент. Если не работает один этап, одинаковый внешний результат получают разные генотипы.



Поломка этапа

Иногда один ген отвечает за запуск процесса, а другой — за его продолжение. Тогда отсутствие нужного белка на раннем шаге делает дальнейшие изменения бессмысленными для фенотипа.



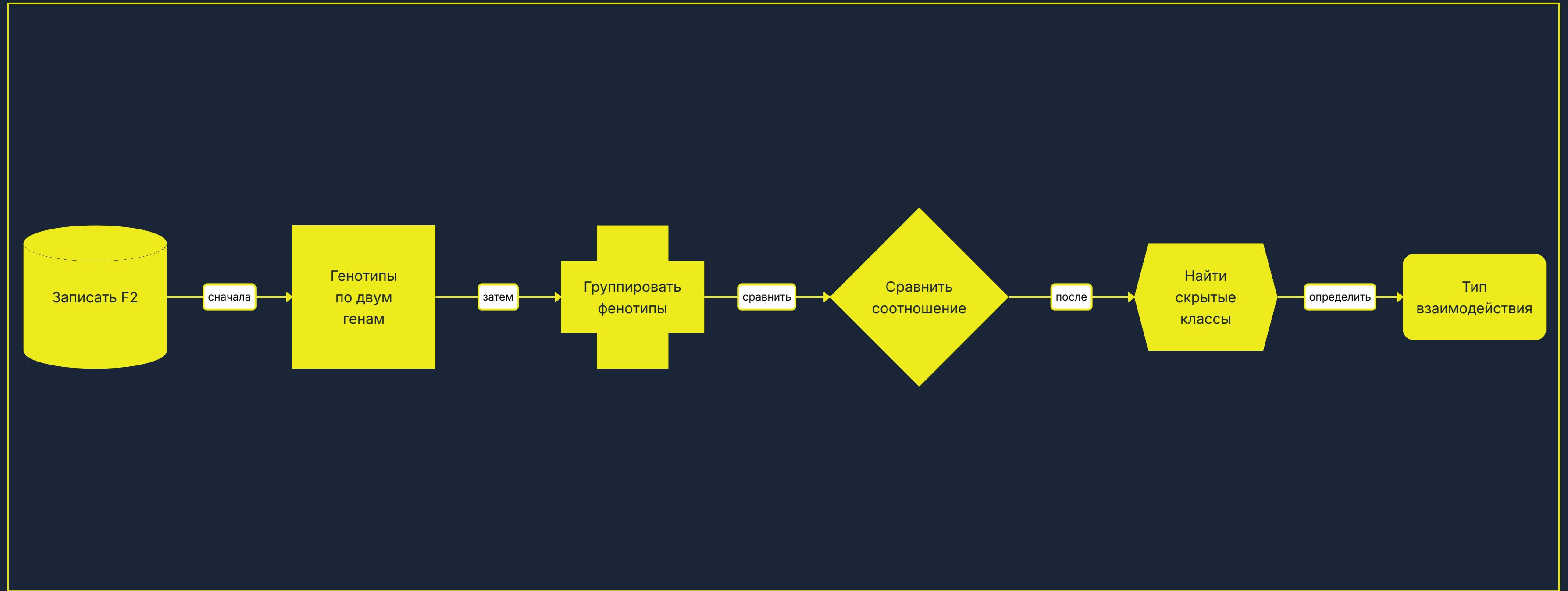
Одинаковый результат

Именно поэтому в F2 некоторые классы сливаются: наследование остаётся генетически различным, но внешне признак выглядит одинаково.



Алгоритм распознавания типа взаимодействия

Сначала восстанавливают генотипы, затем объединяют одинаковые фенотипы и сопоставляют итоговое расщепление с известными моделями.



Комплементарность: два гена нужны одновременно

Оба гена обязательны

Для проявления признака должны присутствовать доминантные аллели обоих генов одновременно: только сочетание $A_B_$ даёт нужный результат.

Срыв одного звена

Если хотя бы один локус представлен рецессивной гомозиготой, цепочка признака прерывается, и конечный фенотип не формируется.

Характерное соотношение

В F_2 обычно наблюдают расщепление 9:7, потому что девять генотипических комбинаций дают окраску, а семь — нет.

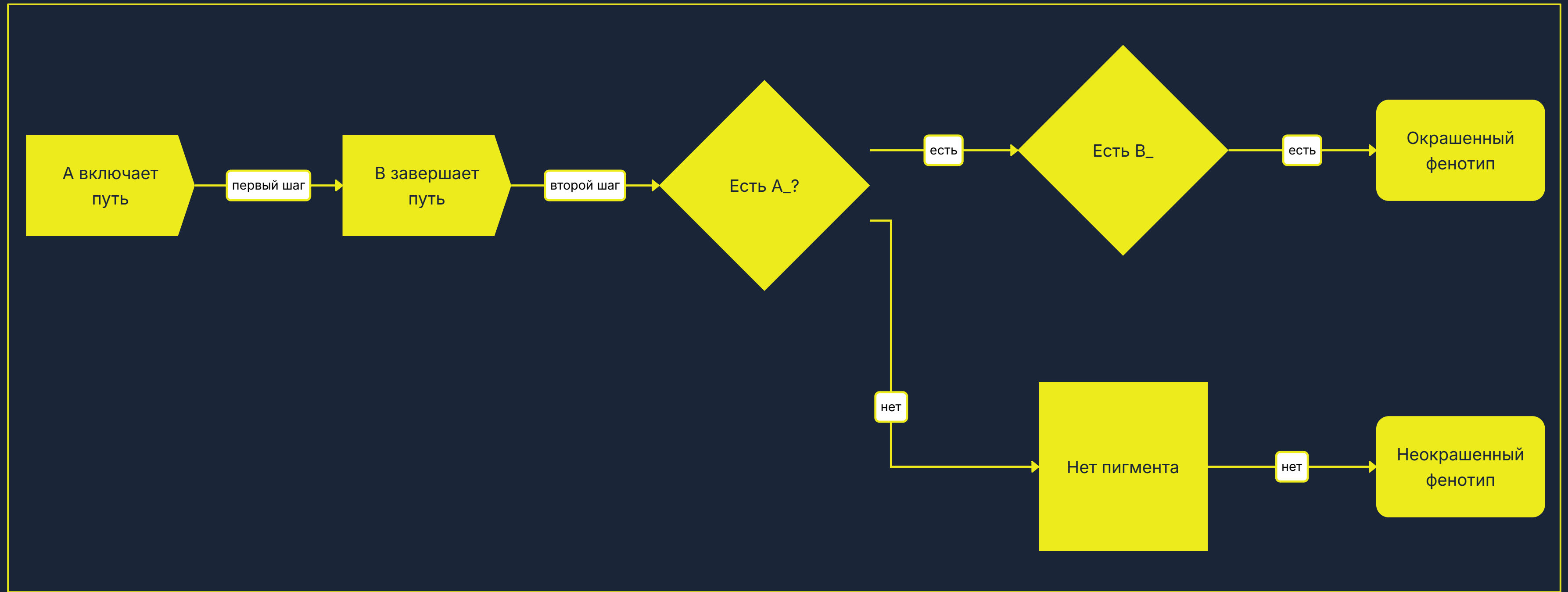
Биологический пример

Классический пример — окраска цветков душистого горошка, где без обоих активных генов пигмент не появляется.



Комплементарность: логика «если оба работают»

Последовательность двух работающих генов приводит к синтезу пигмента; любой сбой оставляет окраску недоступной.



Рецессивная эпистазия: рецессивный блокирующий ген

1

Маскирующий аллель

При рецессивной эпистазии рецессивная гомозигота одного гена маскирует проявление другого, хотя второй ген может быть полностью функционален.

2

Слияние классов

Такой генотипический блок объединяет несколько фенотипических классов в один, поэтому расщепление F₂ отличается от менделевской схемы.

3

Типичное расщепление

Чаще всего получают соотношение 9:3:4, где один из классов соответствует действию эпистатического гена в рецессивном состоянии.

4

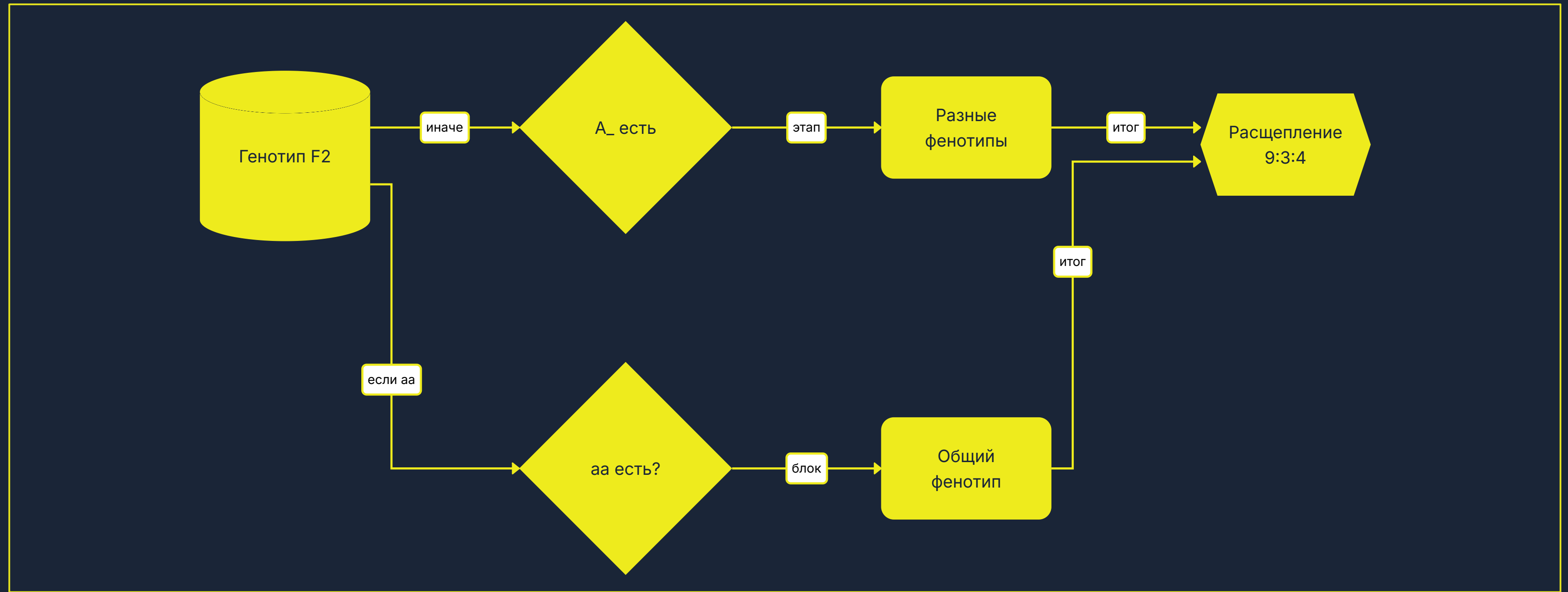
Примеры

Примеры из школьной генетики — окраска шерсти у мышей и окраска плодов у тыквы, где путь может быть остановлен раньше второго гена.



Рецессивная эпистазия: схема пути

Путь признака при рецессивной эпистазии: ранний блок при aa объединяет часть генотипов.



Доминирующая эпистазия: доминантный подавляющий ген

Подавление признака

Один доминантный аллель может не усиливать, а подавлять другой ген, меняя ожидаемый фенотип. Такой эффект особенно заметен, когда признак определяется не одним, а двумя биохимическими звеньями.

Доминантный ингибитор

При доминирующей эпистазии важен аллель-ингибитор: достаточно одной доминантной копии, чтобы скрыть действие второго локуса. Поэтому генотипы с $A_$ часто объединяются в один фенотипический класс.

Типичное расщепление

В F_2 нередко наблюдают соотношение 12:3:1. Оно возникает потому, что три класса генотипов с доминантным A дают одинаковый результат, а при aa проявляется вклад второго гена.

Биологические примеры

Классические примеры описывают окраску плодов у тыквенных и особенности оперения у птиц. В них именно один доминантный ген определяет, увидим ли мы второй признак.



Доминирующая эпистазия: условия проявления

Логика определения фенотипов по генотипам в F2 при доминирующем подавлении второго гена.



Дублирование доминантных генов: один из двух достаточно

Два участника пути

В этом типе наследования признак возникает только тогда, когда в генотипе есть хотя бы один доминантный аллель каждого из двух генов. Если один из участников отсутствует, конечный результат не формируется.



Одна исключительная группа

Поэтому в F2 три генотипических группы выглядят одинаково: $A_B_$, A_bb и $aaB_$ все дают один и тот же фенотип. Отдельно остаётся только $aabb$, где путь оказывается полностью нарушен.



Дублирование доминантных генов: простое правило

Схема объединения фенотипов при дублировании доминантных генов и получении соотношения 15:1.



Дублирование рецессивных генов: эффект совпадает с комплементарностью

Нужны оба гена

Здесь оба локуса важны одновременно: без доминантного аллеля хотя бы в одном из них признак не проявляется. Именно поэтому схема напоминает комплементарность и даёт соотношение 9:7.

Срыв одного звена

Генотипы A_B_ образуют единственный окрашенный или функциональный класс. Как только один локус становится рецессивным по обоим аллелям, результат нарушается и фенотип меняется на общий для дефектных вариантов.

Два ключа к признаку

Такое наследование удобно запоминать как совместную работу двух «ключей». Оба должны быть включены, иначе путь к конечному продукту не завершится и признак не появится.

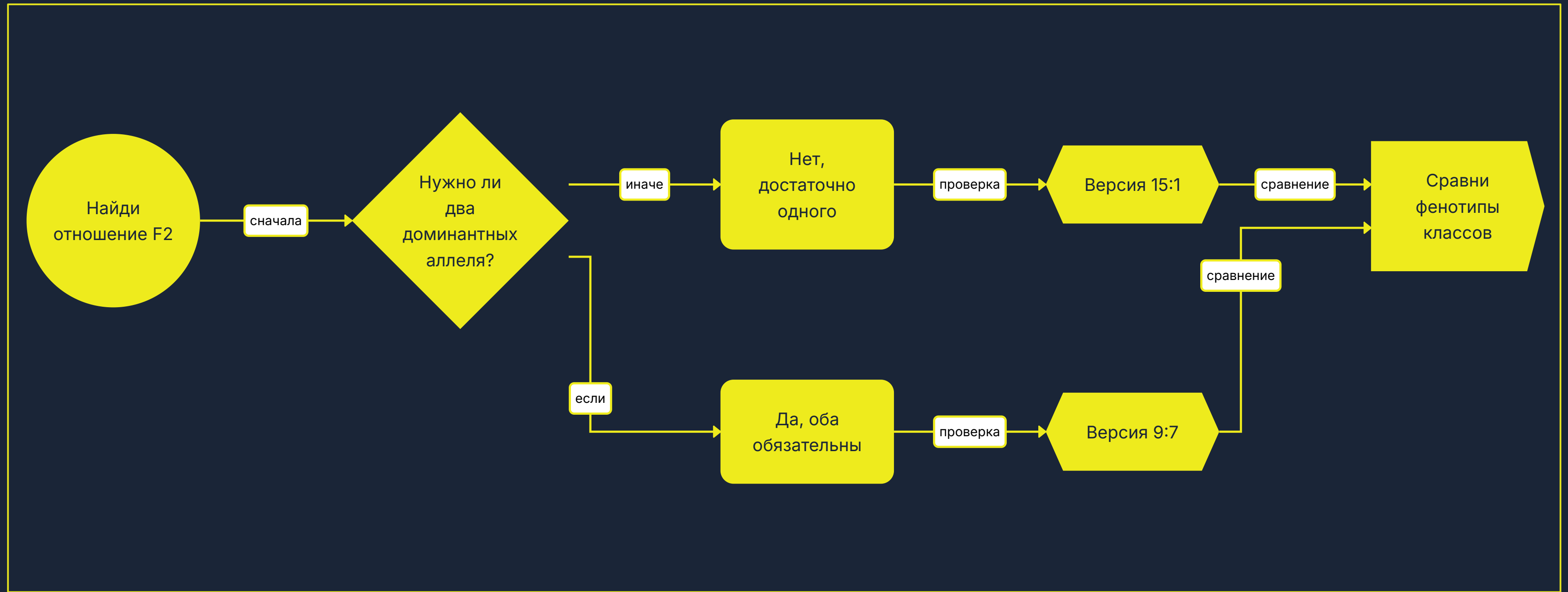
Похоже на комплементарность

Именно поэтому рецессивное дублирование часто трудно отличить от комплементарности. В обоих случаях решает не один ген, а их согласованная работа в одном признаке.



Как не спутать дублирование доминантное и рецессивное

Алгоритм различения двух типов дублирования по условию проявления признака и объединению генотипов.



Полимерия: когда признак меняется постепенно

Суммарный эффект

Полимерия показывает, что один признак может зависеть не от одного «главного» гена, а от суммы многих небольших эффектов. Каждый доминантный аллель добавляет вклад и меняет итог постепенно.

Плавный ряд

Вместо резких классов появляются переходные варианты, между которыми нет чёткой границы. Поэтому полимерные признаки часто описывают как количественные, а не как строго альтернативные.

Примеры признаков

Так наследуются рост, масса семян и интенсивность кожной пигментации. В реальных задачах именно такие признаки лучше всего показывают, как гены складывают свой эффект.

Эффект дозы

Чем больше доминантных аллелей в генотипе, тем сильнее проявление признака. Это удобно объяснить как нарастание «дозы» активности, а не как включение одного единственного переключателя.



Полимерия: от дискретных классов к шкале признака

1 Шаг 1. Считаем вклад

Сначала определяют, какие гены участвуют в признаке и сколько доминантных аллелей они могут внести. Это важно, потому что именно их сумма формирует итоговую интенсивность проявления.

2 Шаг 2. Сравниваем дозы

Затем сравнивают генотипы по числу активных аллелей, а не по одному фиксированному классу. Чем больше доминантных «доз», тем выраженнее признак и тем выше его значение.

3 Шаг 3. Видим шкалу

После этого фенотипы выстраиваются в градацию от слабого к сильному. Между крайними значениями возникают промежуточные варианты, которые отражают постепенное сложение генетического эффекта.

4 Шаг 4. Получаем шкалу

Итогом становится количественное наследование: признак удобнее измерять, чем просто делить на категории. Поэтому полимерия особенно заметна там, где важна степень проявления, а не наличие или отсутствие.

Практика 1: распознавание 9:7

①

1. Проверка условия

Сначала смотрят на само отношение 9:7 и проверяют главное условие: признак появляется только при наличии доминантных аллелей обоих локусов. Если да, круг типов сразу сужается.

②

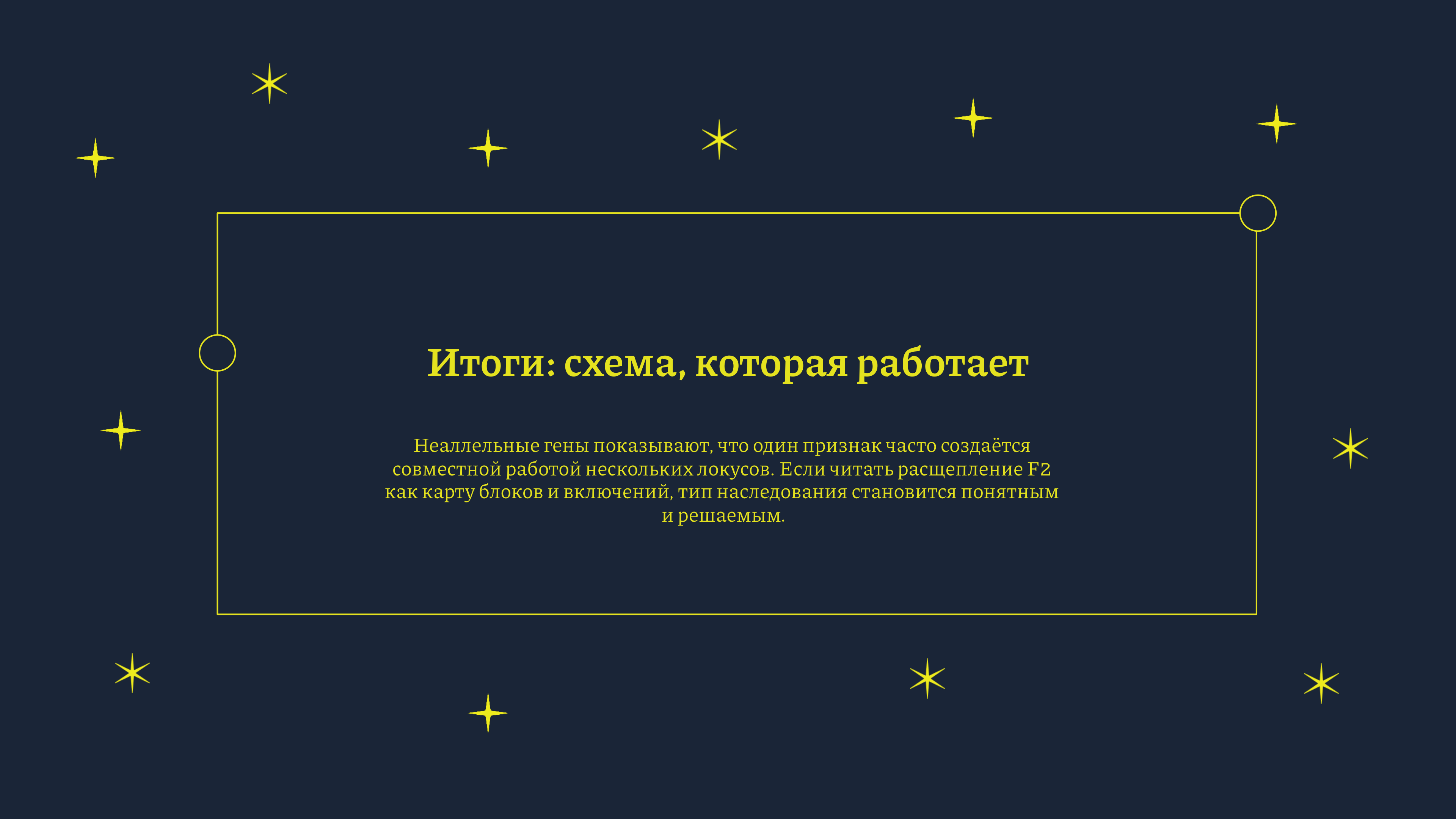
2. Сужение вариантов

Далее сопоставляют описание фенотипов с биологической схемой. Если каждый дефектный вариант даёт отсутствие признака, вероятно комплементарность; если оба гена нужны для одного результата, возможна рецессивная эпистазия.

③

3. Обоснование ответа

После этого выбирают тип по смыслу эксперимента: какие продукты должны работать совместно, какой этап пути нарушается и почему одинаковые фенотипы объединяются в классы. Именно это даёт уверенный ответ.



Итоги: схема, которая работает

Неаллельные гены показывают, что один признак часто создаётся совместной работой нескольких локусов. Если читать расщепление F₂ как карту блоков и включений, тип наследования становится понятным и решаемым.