

JOACHIM J. CIEŚLIK

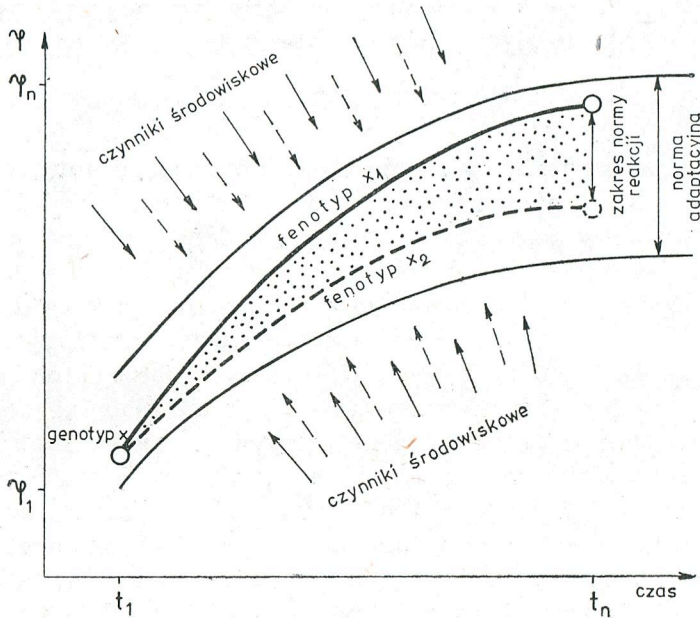
INTERPRETACJA FENOTYPOWEGO KSZTAŁTOWANIA SIĘ CECH OSOBNIKA W ROZWOJU I OCENA JEGO MIEJSCA W POPULACJI

Niesłychanie interesującą rzeczą dla współczesnego antropologa, zajmującego się przebiegiem rozwoju cech morfologicznych, determinowanych genetycznie w sposób ilościowy, jest badanie występowania wyraźnej zmienności fenotypowej wśród genotypów danej populacji. Zjawisko to jest wyraźnie poznane i tłumaczone podstawowymi prawami genetycznymi i ekologicznymi. Dla współczesnego auksologa frapujący jest jednak inny aspekt tego zjawiska, mianowicie to, jakie istnieją w ogóle możliwości fenotypowego kształtowania się cech osobnika w rozwoju, z punktu widzenia determinant genetycznych i modyfikatorów, jako czynników środowiskowych, oraz to, jaką najprostszą metodą jesteśmy w stanie ocenić różne drogi tej realizacji wśród niezliczonej liczby genotypów danej populacji. Szczególnie interesująca jest zmienność indywidualna kształtująca się w ciągu życia osobniczego, a więc analiza tego zjawiska w ujęciu rozwojowym. Mimo że fakty te wydają się oczywiste i proste, to ich przebieg w ujęciu rozwojowym ma charakter bardzo złożony, dlatego właśnie podjąłem się częściowego wyjaśnienia możliwości realizacji i interpretacji tego zjawiska.

WPŁYW CZYNNIKÓW GENETYCZNYCH I ŚRODOWISKOWYCH NA KSZTAŁTOWANIE FENOTYPOWE POSZCZEGÓLNYCH GENOTYPOW W POPULACJI

Wyraźna zmienność fenotypowa wśród organizmów danego gatunku tworzących określone populacje jest nie tylko wynikiem różnej odległości genetycznej poszczególnych genotypów, lecz również uzależniona jest od wpływu czynników środowiska różnej natury: a więc zarówno czynników środowiska biogeograficznego, jak i czynników środowiska społeczno-ekonomicznego i kulturowego. Czynniki te wpływają modyfikująco na wielkości poszczególnych cech ilościowych, powodując tym samym zwiększanie lub zmniejszanie odległości fenotypowych między poszcze-

gólnymi genotypami będącymi w stosunku do siebie w równej odległości genetycznej. Faktem jest, że najbardziej spokrewnione organizmy tego samego gatunku, będące potomstwem tej samej pary rodziców, różnią się między sobą dość wyraźnie w zakresie cech ilościowych — morfologicznych. Tym bardziej więc, większa odległość fenotypowa będzie występowała pomiędzy genotypami niespokrewnionymi w danej populacji. Oczywiście jest, że nie tylko to powoduje występowanie zmienności wśród organizmów. Często jest również tak, że duże podobieństwo fenotypowe występuje między dwoma organizmami nie dowodząc wcale wyraźnej



Rys. 1. Schemat współdziałania czynników środowiskowych i genetycznych (według autora)

homologii genotypowej i odwrotnie, duża odległość w cechach morfologicznych nie dowodzi wyraźnej odrębności genotypowej. A zatem dwa organizmy fenotypowo podobne, mogą być w stosunku do siebie bardzo zbliżone lub bardzo oddalone pod względem genotypowym. Zjawisko to jest wynikiem wpływów czynników środowiskowych działających na poszczególne genotypy danej populacji i zwane jest zmiennością modyfikacyjną. Zmienność ta jest wynikiem wzajemnego oddziaływania czynników genetycznych (które są determinantami poszczególnych właściwości morfologicznych) i czynników środowiskowych, które wpływają modyfikująco na wielkość tych właściwości morfologicznych. Wpływ tych czynników na zmienność modyfikacyjną ma, ściśle określone w swej sile oddziaływania, wyraźne granice dla poszczególnych genotypów. Zakres więc zmienności modyfikacyjnej danego genotypu nie może prze-

kroczyć tak zwanej normy reakcji osobnika. Natomiast zakres zmienności modyfikacyjnej dla całej populacji nie może przekroczyć tak zwanego zakresu normy adaptacyjnej. Wynika z tego jasno, że norma reakcji danego genotypu określa granice osobniczej zmienności modyfikacyjnej, natomiast norma adaptacyjna określa granice tej zmienności dla populacji.

Rysunek 1 przedstawia schematyczny obraz współdziałania czynników środowiskowych i genetycznych tworzących układ, w którym odbywa się fenotypowe kształtowanie cech morfologicznych (determinowanych genetycznie w sposób ilościowy) poszczególnych genotypów, których obraz jest wynikiem wybrania przez te genotypy odpowiedniego poziomu wartości φ w ramach zakresu normy reakcji, w obrębie normy adaptacyjnej dla danej populacji. Wielkość φ jest wartością odzwierciedlającą parę lub zespół cech, którymi posłużono się w ocenie fenotypowego kształtowania się cech w rozwoju. Rysunek 1, dla przykładu, przedstawia drogę i poziom fenotypowego kształtowania się cech dwóch identycznych genotypów pod względem wyposażenia genetycznego, funkcjonujących w powyżej opisanym układzie, wykorzystujących jednak różne poziomy zakresu normy reakcji w ramach normy adaptacyjnej, przy działaniu różnych czynników środowiskowych — modyfikujących (linia ciągła i przerywana).

Można więc powiedzieć, że norma reakcji determinowana genetycznie, to zakres reakcji fenotypowych określonego gatunku uzewnętrzniający się w postaci różnych fenotypów powstających w wyniku współdziałania tego genotypu z czynnikami środowiskowymi [5]. Natomiast norma adaptacyjna, to mniej lub bardziej trwały kompleks, dostosowany do środowiska, zmienności genetycznej w obrębie populacji [6].

METODA OCENY FENOTYPOWEGO KSZTAŁTOWANIA SIĘ CECH OSOBNIKA W ROZWOJU

Znając układ w jakim osobnik i populacja kształtują swoje właściwości morfologiczne, z punktu widzenia współczesnej genetyki i ekologii, należałoby podać metodę, za pomocą której możliwe byłoby uchwycenie wszystkich spotkanych wariantów fenotypowego kształtowania się cech osobnika w rozwoju w obrębie populacji. Ważne jest to z punktu widzenia oceny rozwoju morfologicznego. Warto dodać, że dla auksologa, dodatkowo, interesujące jest jaka ta wielkość być powinna w odpowiednim momencie rozwoju ontogenetycznego. A zatem, chodzi o podanie takiej miary, która ujmowałaby stan zaawansowania morfologicznego, oceniając równocześnie stopień i kierunek odchylenia tego zaawansowania odpowiednio do posiadanego wieku kalendarzowego. Metoda ta powinna mieć także tę zaletę, aby stosowanie jej było możliwe

we wszystkich momentach (t_1-t_n) w okresie progresywnego rozwoju ontogenetycznego. Taką miarą jest zaproponowany wcześniej [1] wskaźnik stanu dojrzałości biologicznej W_{SDB} wyznaczony za pomocą kryterium morfologicznego. Wartość tę obliczamy według następującej formuły:

$$W_{SDB} = \frac{X_{ij} \times 100}{X_{ich}} - 100$$

X_{ij} — to wielkość cech X i -tego osobnika pod względem j -ego kryterium morfologicznego (co najmniej 2 cechy lub zespół cech), X_{ich} — wiek kalendarzowy i -tego osobnika. Wskaźnik ten określa wielkość, jaką osobnik uzyskał w stosunku do obowiązujących norm w danym wieku kalendarzowym, w sensie poziomego rozwoju. Należałoby dodać, że wielkości powyższego wskaźnika obliczane dla danego osobnika w czasie od t_1 do t_n są jednakowe w przypadku, kiedy fenotypowe kształtowanie się cech w tych czasach jest zawsze na odpowiednio równym poziomie w stosunku do układu odniesienia, czyli normy. A zatem, pozwala on ocenić harmonijność rozwoju dodatkowo wyjaśniając, czy osobnik zmienia poziom wielkości tych cech w ramach swojej normy reakcji w obrębie populacji, do której należy w kolejnych badanych czasach t_i . Jeżeli więc osobnik nie zmienia swego miejsca w populacji pod względem zastosowanego kryterium morfologicznego (oceniającego jego zaawansowanie morfologiczne), wielkości tego wskaźnika będą zawsze równe w kolejnych czasach t_i danego odcinka ontogenezy. Jeżeli natomiast kształtowanie to będzie powodowało przesuwanie osobnika na różne poziomy rozwoju w obrębie populacji, wartości tego wskaźnika będą się odpowiednio różniły znakami (+ lub -) w odpowiednich czasach t_i badanego odcinka ontogenezy.

Opisywane powyżej kształtowanie się cech morfologicznych danego osobnika, wyrażone wielkością wskaźnika W_{SDB} , pozwala na dokładną ocenę jego poziomego rozwoju i jego miejsca w populacji w ujęciu rozwojowym. Analiza taka jest możliwa do przeprowadzenia, gdy wielkości pochodzą z badań ciągłych, przy ustalonych dla badanej populacji aktualnych normach rozwojowych.

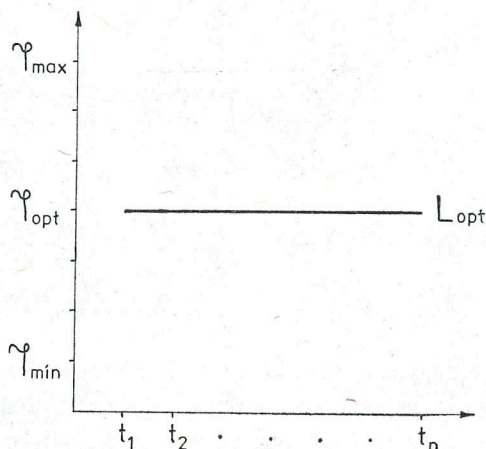
MODELE FENOTYPOWEGO KSZTAŁTOWANIA SIĘ CECH OSOBNIKA W ROZWOJU

Wykorzystując powyższe założenia wyodrębniono z populacji różne typy linii rozwojowych fenotypowego kształtowania się cech osobnika i zestawiono je w 4 grupy o różnych możliwościach, przypisując im odpowiednie modele matematyczne i przedstawiając je graficznie (w sposób schematyczny).

A. Model optymalnego rozwoju

W ramach tego modelu wyodrębniono następujące linie przebiegu fenotypowego kształtowania się cech osobnika w rozwoju, w zależności od zajmowanego miejsca w populacji:

1. Pierwszy przypadek przedstawia najbardziej optymalny, typowy obraz fenotypowego kształtowania się cech w rozwoju (rys. 2). Osobnik ten realizuje swoją linię fenotypowego rozwoju według reguły przedstawionej na rys. 2.



Rys. 2. Obraz graficzny modelu optymalnego

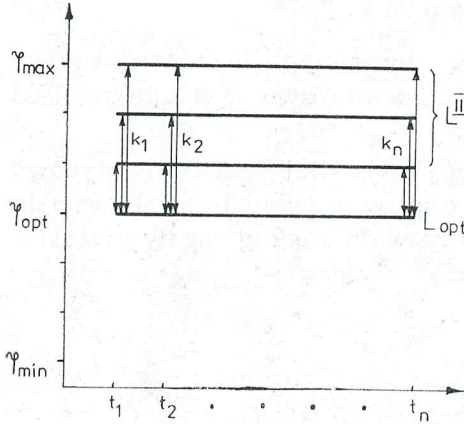
L — linia fenotypowego kształtowania się cech morfologicznych osobnika o optymalnych wartościach φ_i w czasie t_i

$$L_{\text{opt}}^I = \varphi_1 [\varphi_{t1} - \varphi_{t0}] + \varphi_2 [\varphi_{t2} - \varphi_{t1}] + \dots + \varphi_n [\varphi_{tn} - \varphi_{tn-1}]$$

$$L_{\text{opt}}^I = \sum_{i=1}^n \varphi_{i \text{ opt}} [\varphi_{ti} - \varphi_{ti-1}]$$

Taki obraz najczęściej jest teoretyczny w danej populacji, aczkolwiek nie jest wykluczone istnienie takiej drogi fenotypowego kształtowania się cech w ciągu rozwoju, w czasie $t_1 - t_n$. Wartość φ oznacza zespół cech lub przynajmniej 2 cechy, na podstawie których dokonano oceny dojrzałości morfologicznej, w tym przypadku $\varphi = W_{SDB}$. Dla populacji, gdzie poszczególne genotypy różnie wykorzystują zakres swojej normy reakcji przy równym działaniu czynników środowiskowych, spotkamy wartości od φ_{min} — φ_{max} .

2. Następny przypadek w ramach modelu optymalnego rozwoju dotyczy wszystkich tych genotypów, których linie fenotypowego kształtowania się cech w rozwoju będą posiadały wartość φ (w stosunku do wartości φ_{opt} (rys. 1)), zawsze wyższą o wartość współczynnika k_i , równą w różnych czasach t_i , których realizacja odbywa się wg następującej reguły:



Rys. 3. Obraz graficzny modelu optymalnego

L^{II} — linie fenotypowego kształtowania się cech morfologicznych osobników o wartościach φ_i wyższych od optymalnych w czasach t_i

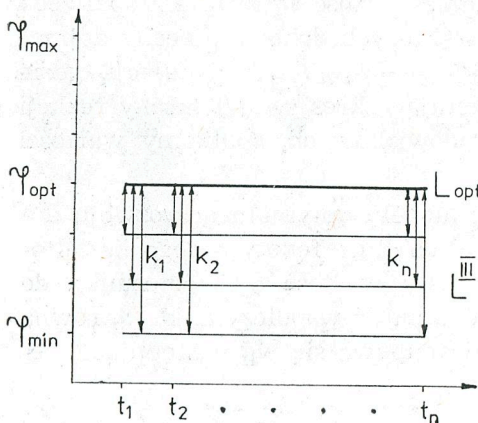
$$L^{\text{II}} = \varphi_{1 \text{ opt}} [\varphi_{t_1} - \varphi_{t_0}] + k_1 + \varphi_{2 \text{ opt}} [\varphi_{t_2} - \varphi_{t_1}] + k_2 + \dots + \varphi_{n \text{ opt}} [\varphi_{t_n} - \varphi_{t_{n-1}}] + k_n$$

$$k \rightarrow i = 1 \dots n, \quad k_1 = k_2 = \dots = k_n$$

$$L^{\text{II}} = \sum_{i=1}^n \{ \varphi_{i \text{ opt}} [\varphi_{t_i} - \varphi_{t_{i-1}}] + k_i \}$$

Odległość między tymi genotypami (L^{II} , rys. 3) a genotypem o wartości φ_{opt} nazwano współczynnikiem k . Jest to wartość φ , większa od optymalnej, wykorzystana równo w kolejnych czasach od t_1 do t_n , w ramach zakresu normy reakcji, przy tych samych warunkach środowiska.

3. Następne możliwości w ramach modelu optymalnego rozwoju będą obejmowały wszystkie te genotypy, których poziom ze względu na wartość φ będzie zawsze niższy od optymalnej o wielkość współczynnika k_i , równą w różnych czasach od $t_1 - t_n$. (rys. 4). Przebieg linii fenotypowego kształtowania się cech poszczególnych osobników będzie się realizował według następującej reguły:



Rys. 4. Obraz graficzny modelu optymalnego

L^{III} — linie fenotypowego kształtowania się cech morfologicznych osobników o wartościach φ_i niższych od optymalnych w czasach t_i

$$L^{III} = \varphi_{1 \text{ opt } [\varphi_{t_1} - \varphi_{t_0}]} - k_1 + \varphi_{2 \text{ opt } [\varphi_{t_2} - \varphi_{t_1}]} - k_2 + \dots + \varphi_{n \text{ opt } [\varphi_{t_n} - \varphi_{t_{n-1}}]} - k_n$$

$$k \rightarrow i = 1 \dots n, \quad k_1 = k_2 = \dots = k_n$$

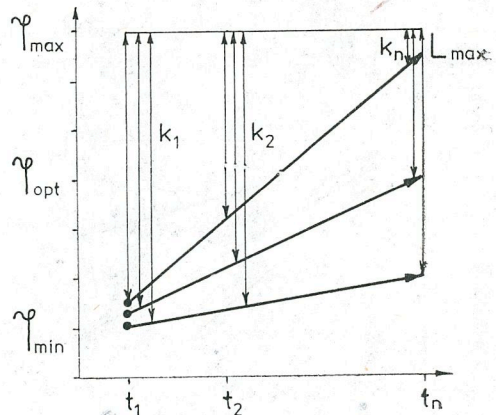
$$L^{III} = \sum_{i=1}^n \{ \varphi_{i \text{ opt } [\varphi_{t_i} - \varphi_{t_{i-1}}]} - k_i \}$$

W tym przypadku współczynnik k jest wartością φ mniejszą w stosunku do optymalnej, wykorzystaną równo w różnych czasach od t_1 do t_n w ramach zakresu normy reakcji, przy tych samych warunkach środowiska.

Opisane powyżej trzy grupy fenotypowego kształtowania się cech osobnika w rozwoju, w ramach modelu nazwanego modelem optymalnego rozwoju, kształtują swoje cechy morfologiczne w taki sposób, że ze względu na ich wielkość φ i poziom rozwoju zajmują w populacji w kolejnych czasach od t_1 do t_n zawsze to samo miejsce.

B. Model progresywnego rozwoju

W oddzielną grupę wyodrębniono organizmy, w obrębie których wartości φ w kolejnych czasach od t_1 do t_n powiększają się sukcesywnie w porównaniu z wielkością normy dla danego czasu t_i , przy działaniu tych samych czynników środowiskowych, działających w ciągu badanego odcinka ontogenezy. A zatem genotypy te wykorzystują przy tych samych warunkach środowiska, w kolejnych czasach t_i , wyższe zakresy normy reakcji, zmieniając tym samym miejsce w populacji w kierunku wyższych wartości φ (rys. 5), w myśl następującej reguły matematycznej:



Rys. 5. Obraz graficzny modelu progresywnego

$$L = \varphi_{1 \text{ max } [\varphi_{t_1} - \varphi_{t_0}]} - k_1 + \varphi_{2 \text{ max } [\varphi_{t_2} - \varphi_{t_1}]} - k_2 + \dots + \varphi_{n \text{ max } [\varphi_{t_n} - \varphi_{t_{n-1}}]} - k_n$$

$$k \rightarrow i = 1 \dots n$$

$$k_1 [k_{t_1} - k_{t_0}] > k_2 [k_{t_2} - k_{t_1}] > \dots > k_n [k_{t_n} - k_{t_{n-1}}]$$

$$L = \sum_{i=1}^n \{ \varphi_{i \text{ max } [\varphi_{t_i} - \varphi_{t_{i-1}}]} - k_i \}$$

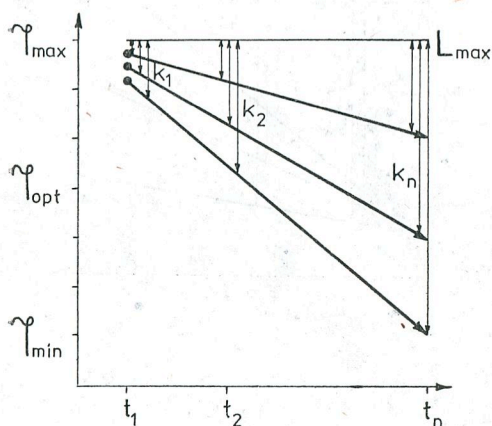
Aby wyodrębnić wszystkie możliwe linie fenotypowego kształtowania się cech osobnika w rozwoju, regułę matematyczną skonstruowano w ten sposób, że odległości wartości φ badanego genotypu odnoszono do wartości φ_{\max} spotykanej w populacji. Odległości φ w różnych czasach t_i mierzono współczynnikiem k . Współczynnik k , jako odległość między linią fenotypowego kształtowania się cech danego genotypu a linią fenotypowego kształtowania się cech osobnika o wartościach φ_{\max} , będzie w kolejnych czasach od t_1 do t_n odpowiednio malał i to różnie dla różnych genotypów.

Opisany powyżej model progresywnego rozwoju obejmuje wszystkie te genotypy, u których linie fenotypowego kształtowania się cech w rozwoju przebiegają w ten sposób, iż poszczególne genotypy ze względu na wielkość φ zmieniają swoje miejsce w populacji w kierunku wyższych wartości φ w kolejnych czasach t_i .

C. Model regresywnego rozwoju

Model regresywnego rozwoju obejmuje wszystkie te organizmy populacji, których linie fenotypowego kształtowania się cech mają przebieg odwrotny w stosunku do modelu progresywnego rozwoju. Nie należy jednak rozumieć tego tak, że rozwój cech morfologicznych w kolejnych czasach t_i maleje. Chodzi po prostu o to, że organizmy te, przy tych samych warunkach środowiska, w kolejnych czasach od t_1 do t_n posiadają wartości φ kolejno niższe w porównaniu z normą. Zmieniają więc sukcesywnie od czasu t_1 do t_n miejsce w populacji w kierunku niższych wartości φ (rys. 6).

Przebieg fenotypowego kształtowania cech morfologicznych dla organizmów tego modelu ma postać:



Rys. 6. Obraz graficzny modelu regresywnego

$$L = \varphi_1 \max[\varphi_{t_1} - \varphi_{t_0}] - k_1 + \varphi_2 \max[\varphi_{t_2} - \varphi_{t_1}] - k_2 + \dots + \varphi_n \max[\varphi_{t_n} - \varphi_{t_{n-1}}] - k_n$$

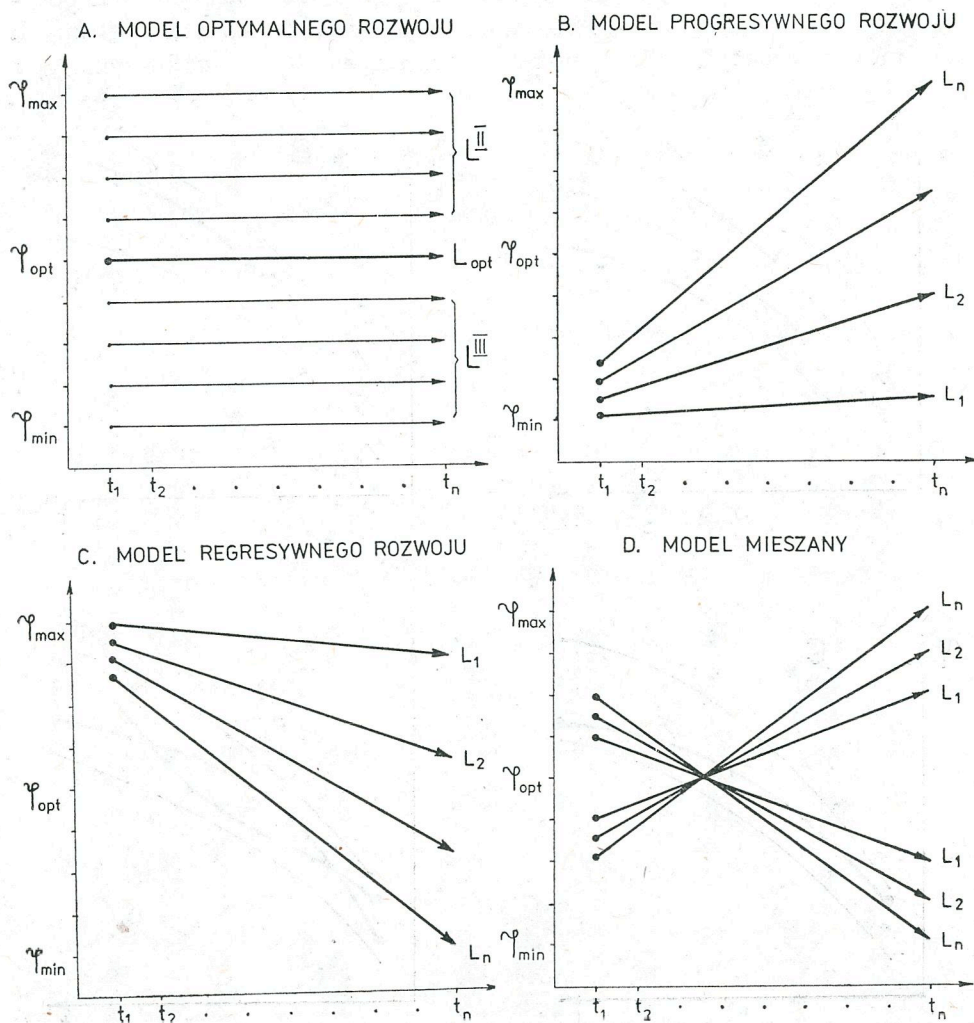
$$k \rightarrow i = 1 \dots n$$

$$k_1 [k_{t_1} - k_{t_0}] < k_2 [k_{t_2} - k_{t_1}] < \dots < k_n [k_{t_n} - k_{t_{n-1}}]$$

$$L = \sum_{i=1}^n \{ \varphi_{i \max} [\varphi_{t_i} - \varphi_{t_{i-1}}] - k_i \}$$

Aby wyodrębnić wszystkie możliwe linie fenotypowego kształtowania się cech osobnika w rozwoju, zaliczone do modelu regresywnego rozwoju, regułą matematyczną skonstruowano w taki sposób, jak w modelu poprzednim, z tą różnicą, że współczynnik k w kolejnych czasach od t_1 do t_n odpowiednio wzrasta o różną wielkość, w zależności od genotypu.

Model regresywnego rozwoju obejmuje więc wszystkie te genotypy,

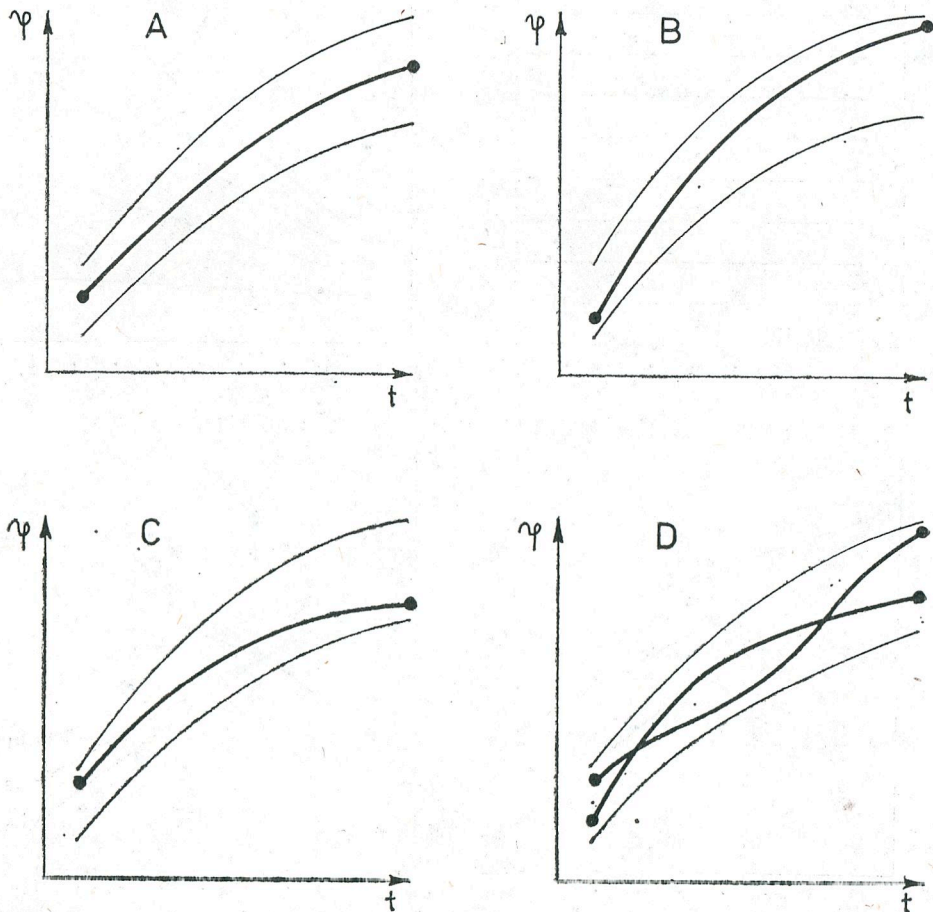


Rys. 7. Obraz graficzny wybranych linii fenotypowego kształtowania się cech morfologicznych modeli A, B, C, D według podanych reguł matematycznych

które w kolejnych czasach t_i w badanym odcinku ontogenezy zmniejszają swoje wartości φ w stosunku do normy i tym samym zmieniają swoje miejsce w populacji w kierunku niższych wartości φ w kolejnych czasach od t_1 do t_n .

D. Model mieszany

Opisane wyżej warianty nie obejmują jednak wszystkich możliwych dróg fenotypowego kształtowania się cech w rozwoju. Spotykamy takie organizmy, które w badanym odcinku ontogenezy kształtują swoje cechy morfologiczne w pewnym przedziale tego okresu w myśl modelu A, B lub C. Takich linii rozwojowych fenotypowego kształtowania się cech spotykamy najwięcej w obrębie genotypów danej populacji. Jest to dość oczywiste, gdyż trudno sobie wyobrazić, aby wpływ czynników zewnętrznych jako modyfikujących oddziaływał z równą siłą na poszczególne genotypy



Rys. 8. Naturalny przebieg linii fenotypowego kształtowania się cech morfologicznych osobników typowych, dla modeli A, B, C i D

w odpowiednio długim odcinku ontogenezy, podobnie jak trudno sobie wyobrazić, aby wszystkie genotypy w myśl prezentowanych modeli reagowały odpowiednio równo na bodźce czynników środowiskowych. Organizm nie funkcjonuje biernie w wyżej opisanym układzie. Daje on różne odpowiedzi biologiczne na spotykane czynniki środowiska, będąc tym samym w różnej równowadze biologicznej ze środowiskiem. Reakcja taka objawia się, między innymi, właśnie różną dojrzałością morfologiczną zależną od tej równowagi w różnych momentach rozwoju osobniczego.

Zgodnie z podanymi regułami matematycznymi, linie fenotypowego kształtowania się cech osobnika w rozwoju, ze względu na zastosowaną metodę, mają przebieg na układzie współrzędnych prostokątnych (y — wielkość φ_i , x — czas t_i), tak jak to podaje rys. 7. W części drugiej pracy wyjaśniono, iż wartości $\varphi = W_{SDB}$ obejmują zakres zmienności tej wielkości poprzez wyodrębnienie wartości φ_{\min} i φ_{\max} , w ich granicach znajdują się więc wszystkie wybrane przez poszczególne genotypy poziomy zakresu normy reakcji w ramach normy adaptacyjnej badanego zespołu cech dla danej populacji. W rzeczywistości jednak przebieg tego zjawiska w ujęciu rozwojowym wygląda tak jak to ilustruje rys. 8. Prezentowane tu układy wszystkich modeli przedstawiają naturalny przebieg morfologicznego kształtowania się cech wybranego genotypu dla danego modelu w obrębie populacji. Graficzny obraz tych modeli (rys. 7) pozwala łatwiej zrozumieć opisane skrótowo zjawisko wpływu czynników środowiska zewnętrznego na kształtowanie fenotypowe cech morfologicznych.

Ze względu na skomplikowane zjawisko, zdaję sobie sprawę, iż nie jest to idealny i jedyny schemat wyjaśniający przebieg tego procesu. Z uwagi jednak na ograniczoną ilość miejsca zmuszony byłem pominąć wiele interesujących szczegółów, które być może pozwoliłyby na jaśniejsze jego zinterpretowanie.

PIŚMIENNICTWO

1. Cieślik J. J., *Wpływ niektórych zaburzeń hormonalnych na rozwój somatyczny i dojrzałość biologiczną dziewcząt i chłopców*, Materiały i Prace Antrop., 1974, 88, 43. * 2. Defrise-Gussenhoven E., *Ellipses équiprobables et taux d'éloignement en biométrie*, Bull. Inst. Royal des Sc. nat. de Belgique, 1955, t. 31, nr 26, s. 1-29. * 3. Hiernaux J., *Héredité milieu et morphologie*, Biotypologie, 1965, 26, 2. * 4. Pineau H., *Place et interprétation des mesures individuelles dans l'étude des populations*, Bull. et Mém. de la Soc. d'Anthrop., 1973, ser. XIII, t. 10, s. 421. * 5. Rieger R. i inni, *Słownik terminów genetycznych*, PWRiL, Warszawa 1974. * 6. Schmalhausen I., *Factors of Evolution. The Theory Stabilizing Selection*. Blakiston Philadelphia, 1949.

INTERPRETATION OF PHENOTYPIC FORMATION OF CHARACTERS DURING
INDIVIDUAL'S DEVELOPMENT AND EVALUATION OF HIS POSITION
WITHIN POPULATION

by JOACHIM J. CIEřLIK

On grounds of human genetics and ecological rules as well as basic methods for evaluation of developmental advancement of morphological characters the author has made an attempt to collect into certain groupings all possible ways of phenotypic formation of individual's characteristics during his development. The course of individual's line of phenotypic formation of characters during development depends on genetically determined range (norm of reaction) and influences of environmental factors. Therefore, place of an individual within a population with respect to a value of morphological character that the individual attains in a time interval t_1-t_n , is a result of selected by him certain level of range of reaction norm lying within adaptive norm of the population. Value of the character that is attained by an individual in moments t_i when he is functioning in the above described system was evaluated with use of φ_i value. This is the value characterizing the individual in a certain moment t_i in comparison with developmental norm. On that grounds there were distinguished four models describing differentiation of ways of phenotypic formation of characters in development. Because of various ways on which this phenomenon of formation occurs these models were labelled as follows: A — optimal development model, B — progressive development model, C — regressive development model and D — mixed model. For these models are given mathematical rules describing morphological formation of individual's characters during development.

Model A — it is such a way of phenotypic formation of characters where, with respect to φ_i value, an individual in successive intervals of t_1-t_n time span occupies in a population the same level and position.

Model B — genotypes that are realizing their phenotypic picture according to this rule, occupy, with respect to φ_i value, in successive time intervals of t_1-t_n range various positions within a population, but always change their positions toward higher φ_i values in successive moments t_i .

Model C — according to this model individuals also change with time positions within a population, but always toward lower φ_i values.

Model D — the model comprises such ways of phenotype formation on which in time interval t_1-t_n an individual can change his φ_i values for a certain period in accordance with model A then with model B or C etc.

INTERPRÉTATION DE LA FORMATION PHÉNOTYPIQUE DES TRAITS DANS
LE DÉVELOPPEMENT DE L'HOMME ET LA DÉTERMINATION DE LA PLACE
QU'IL OCCUPE DANS LA POPULATION

par JOACHIM CIEřLIK

A la base des lois de la génétique et de l'écologie de l'homme ainsi qu'à l'aide des méthodes appréciant le degré du développement de traits morphologiques j'ai essayé de classer dans des groupes toutes les voies possibles de formation phénotypique des traits dans le développement de l'homme. L'image de la ligne individuelle de la formation phénotypique des traits chez l'homme dans le processus de son développement dépend de l'étendue de norme de la réaction déterminée génétiquement et de l'influence des facteurs de milieu. Il s'ensuit de là que la place de l'hom-

me dans la population, en considération de la valeur trait morphologique qu'il acquiert dans le temps t_1-t_n , est la résultat du choix de l'étendue de norme de la réaction correspondante dans un cadre de la norme d'adaptation pour la population donnée. L'importance du trait acquis par l'homme dans les temps étudiés t_i , en fonctionnant dans un cadre du système mentionné ci — dessus, était appréciée d'après la valeur i ; celle-ci étant la valeur caractéristique pour l'homme dans le temps t_i par rapport à la norme de développement. En vertu de ceci on a distingué 4 modèles déterminants la différenciation de la voie de formation phénotypique des traits conçue dans la conception de développement. Etant donné qu'il y avait des voies diverses de réaliser ce phénomène, les 4 modèles ont été nommés. A — modèle de développement optimum; B — modèle de développement progressif; C — modèle de développement regressif; D — modèle mêlé. On a donné des règles de mathématique pour ces modèles selon lesquelles parcourt la voie de formation morphologique des traits de l'homme dans le processus de son développement.

Modèle A — la voie formation phénotypique des traits où en égard à la valeur „ i ” l'individu dans les temps successifs t_1-t_n occupe le même niveau et la même place.

Modèle B — les génotypes réalisant leur image phénotypiquement selon cette règle en égard à la valeur „ i ” occupent dans les temps successifs t_1-t_n des places différentes dans la population mais ils les changent toujours avec le temps t_i dans le sens des valeurs „ i ” plus élevées.

Modèle C — selon ce modèle les individus changent aussi leur place dans la population pendant les t_i successifs mais toujours dans le sens de la valeur φ_i .

Modèle D — les voies de formation phénotypique de traits dans le développement de l'homme où dans le temps t_1-t_n l'homme peut se former phénotypiquement dans l'intervalle successive de cette période d'après la modèle A, B ou bien C.

OGÓLNOPOLSKI ZJAZD ANTROPOLOGÓW W KRAKOWIE

W dniach 16 - 18 września 1976 roku odbył się w Krakowie Ogólnopolski Zjazd Antropologów, który został zorganizowany przez Zakład Antropologii Uniwersytetu Jagiellońskiego. Zjazd odbył się z okazji 100-lecia pierwszych, zakrojonych na dużą skalę badań antropologicznych w Polsce południowej (Galicji), prowadzonych przez Józefa Majera i Izzydora Kopernickiego z ramienia Komisji Antropologicznej Akademii Umiejętności.

W pierwszym dniu Zjazdu (16 IX) o godz. 16 nastąpiło uroczyste otwarcie Zjazdu w Auli Uniwersytetu Jagiellońskiego. Po przywitaniu uczestników przez prof. dra Bronisława Jasickiego, Zjazd otworzył Rektor Uniwersytetu Jagiellońskiego prof. dr Mieczysław Karas, który w dłuższym przemówieniu podkreślił rolę antropologii w Krakowie na przestrzeni ostatnich stu lat. W imieniu Komitetu Antropologicznego PAN uczestników Zjazdu powitał prof. dr Zbigniew Drozdowski, w imieniu Polskiego Towarzystwa Antropologicznego — prof. dr Tadeusz Dzierżykraj-Rogalski, a w imieniu władz Instytutu Zoologii UJ — doc. dr Władysław Grodziński.

Na otwarciu Zjazdu wygłoszone zostały dwa referaty: jeden przez prof. dra Pawła Sikorę na temat: *Stulecie badań antropologicznych w Polsce południowej*, drugi referat pt. *Działalność naukowa Eugenii i Kazimierza Stołyhów na polu antropologii* wygłosił prof. dr Bronisław Jasicki.

W następnych dniach obrady odbywały się w Instytucie Zoologii UJ, w 5 sekcjach, a mianowicie: w sekcji ontogenetycznej, filogenetycznej, etnogenetycznej, morfologicznej i genetycznej. Łącznie wygłoszono 114 komunikatów naukowych (najwięcej w sekcji ontogenetycznej — 45). W zjeździe uczestniczyło 140 osób, w tym także goście zagraniczni — z Czechosłowacji 8 osób, z Wilna 2 osoby oraz z Wiednia 1 osoba.

Paweł Sikora (Kraków)