المحاضرة السادسة

تصميم ثنائي الاليل Diallel

يتضمن التضريب التبادلي اجراء التضريبات بكافة الاتجاهات بين افراد نقية يتم اختيارها عشوائيا من مجتمع محدد ، وتقسم طرق تحليل الدايليل الى قسمين: الأول حسب طريقة هايمن والطرق الثانية حسب طريقة كرفنك ولكل طريقة مميزاتها الخاصة.

أهم شروط او فروض تحليل الدايليل :

1-لا يوجد ارتباط

2-الكائنات ثنائية المجموعة الكروموسومية

3-لا يوجد تفوق

4-لا يوجد تاثير للام او الوراثة السايتوبلازمية

يتضمن التحليل اربعة طرق حسب Griffing 1956 :

أ-Parents+One set of F1+Reciprocal وفيها يكون عدد التراكيب الوراثية $n^2=n+n(n-1)/2+n(n-1)/2$

اجراء التضريبات:

	N1	N2	N3	N4
N1	Parents	F1	F1	F1
N2	Reciprocal	Parents	F1	F1
N3	Reciprocal	Reciprocal	Parents	F1
N4	Reciprocal	Reciprocal	Reciprocal	Parents

ب-الطريقة الثانية التي تتضمن افراد الجيل الاول مع الاباء فقط وعدد التراكيب هي:

$n(n+1)/2= n+n(n-1)/2$

ج-الطريقة الثالثة تتضمن افراد الجيل الاول والتضريبات العكسية وعدد تراكيبها $n(n-1)$

د-الطريقة الرابعة تضمن تضريبات افراد الجيل لاول فقط, وعدد تراكيبها $n(n-1)/2$.

يقسم التباين الوراثي في هذا التصميم الى تباين بين العوائل نصف الشقيقة وهي متوسط اداء جميع التهجينات التي يكون فيها احد الاباء مشتركا وهذا ما يسمى Gca. وتباين العوائل الشقيقة الكاملة وينتج منتزاوج كل ابوين وعدد العوائل الشقيقة بعدد التهجينات المفردة والتي يتم تقويمها وهي القدرة الخاصة على الاءئتلافSca.

لكل طريقة من طرق ثنائي الاليل الاربعة لكرفنك جدول تحليل تباين خاص يختلف بعض الشيء عن الطرق الاخرى.

جدول تحليل التباين للطريقة التي تتضمن استخدام الاباء وافراد الجيل الاول(الطريقة الثانية)

S.O.V.	d.f.	SS	EMS(Random)	EMS(Fixd)	F.Cal.	F.tab.
Rep.	r-1					
Genotypes	n(n+1)/2-1					
G.C.A.	n-1		$\sigma^2e+\sigma^2$ sca+r(n+2)σ^2 gca	$\sigma^2e+r(n+2)[\sum gi\hat{}2/n-1]$		
S.C.A.	n(n-1)/2		σ^2 e+rσ^2sca	σ^2 e+r[$\sum$Scai^2/n(n-1)/2]		
Error	(r-1)(n(n+1)/2-1)		σ^2 e	σ^2 e		
Total	r(n(n+1)/2-1)					

ان متوسط المربعات المقدر هذا في حالة الRandom بالنسبة للطريقة الثانية ولكل طريقة حالتين :عشوائية وثابتة والفرق بينهما ان الطريقة الثابتة تتضمن تراكيب مختارة بصورة غير عشوائية وكذلك معلومة الاداء اما العشوائية فتتضمن تراكيب تم اختيارها عشوائيا.

الخطوات الحسابية العملية لهذا التصميم

أولا: تحليل التباين لمعرفة مدى اختلاف التراكيب عن بعضها معنويا وحسب التصميم المستخدم وتجزئة مجموع المربعات الى كل من الإباء والهجن والاباء ضد الهجن واذا ظهرت اختلافات معنوية بين التراكيب فيتم تحليلها الى مكوناتها الوراثية المختلفة وكما يلي:

Source	d.f.	S.S.
GCA	n-1	$\frac{1}{n+2}\left[\sum(y_{i.}+y_{ii})^2-\frac{4}{n}y_{..}^2\right]$
SCA	$\frac{n(n-1)}{2}$	$\sum\sum y_{ij}^2-\frac{1}{n+2}\sum(y_{i.}+y_{ii})^2+\frac{2}{(n+1)(n+2)}y_{..}^2$
Error	$\left[\frac{n(n+1)}{2}-1\right]\times(r-1)$	$\frac{Total\ S.S.-Treatm.\ S.S.-Replic.\ S.S.^*}{r}$

S.S. out of base ANOVA.

Whereas Midparent heterosis (MPH) was calculated as: $MPH=\frac{F1-MP}{MP}$ x100, Where:

F_1 is the mean of the F_1 hybrid performance and $MP=\frac{P1+P2}{2}$, where P_1 and P_2 ar

عندما تكون قيمة F لكل من الGCA وال معنوية SCA يعني ذلك وجود تاثيرات إضافية وسيادية وكانت النتائج كما يلي:

ان مجموع مربعات الانحرافات للمعاملات او التراكيب يجزا الى كل من الGCA والSCA

تقدير التاثيرات لكل من ال GCA والSCA

تتضمن الخطوات بعد وجود المعنوية للتراكيب الداخلة في الدراسة تكوين مصفوفة لمعدل او مجاميع كل من الإباء وهجنها وهي اول مصفوفة او جدول يقدر منه مربعات القابلية العامة والخاصة على التالف وكما مبين :

فاذا كان لدينا عشرة اباء داخلة بتهجين تبادلي نصفي وفق الطريقة الثانية لGriffing

فان اول مصفوفة او جدول سيكون بالشكل التالي وتكون قيم الهجن اما اعلى القطر او اسفل القطر للمصفوفة:

Parents	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	Yi.-yii	Yi.+yii
P1												
P2												
P3												
P4												
P5												
P6												
P7												
P8												
P9												
P10												

وتتطلب عمليات التقدير كل من القيمتين ..yi وyii فالاولى (..yi)تمثل مجموع تضريبات الاب اما الثانية(yii) فتمثل قيمة كل اب.

اذ من هذا الجدول او المصفوفة يمكن تقدير قابليتي التوافق ففي حالة كونهما معنويتين نستمر بتقدير كل من تاثيرات القابلية العامة للإباء والقابلية الخاصة للهجن وذلك من خلال القوانين التالية:

$$Gi=1/(n+2)(\sum yi.+yii)-(2/n)*(y..)$$

وكما ذكرنا سابقا فان المجموعين المهمين ..yi وyii يستخدمان هنا في تقدير التاثيرات المختلفة للاباء

اما فيما يتعلق بتقديرات تاثيرات القابلية الخاصة فيمكن تقديرها من المعادلة التالية

$$Sij=yij-(1/n+2)[(yi.+yii+y.j+yjj)+(2/(n+1)(n+2))*y..$$

اذ ان yi.+yii تمثل مجموع الاب الأول مع مجموع تضريباته اما الyjj+y.j فيمثل مجموع الاب الثاني مع مجاميع تضريباته

لاختبار معنوية التاثيرات المختلفة نستخدم اختبار الخطأ القياسي الذي هو جذر التباين التالي وكما يلي :

1-لاختبار الفرق المعنوي بين الإباء نستخدم القانون V(gi)=(n-1)/rn(n+2)*ϭ2e

2-المقارنة بين الهجن V(Sij)=[(n(n-1)/r(n+1)(n+2)]* ϭ2e

3-المقارنة بين ابوين محددين V(gi-gj)=[(2/r(n+2)]* ϭ2e

4-المقارنة بين هجن مشتركة باب V(Sij-Sik)=[(2(n+1)/r(n+2)]* ϭ2e

5-هجن غير مشتركة باب: V(Sij-Skl)=[(2n/r(r+2)]* ϭ2e

تقدير المكونات الوراثية طبقا للموديل العشوائي او مكونات التباين الوراثي وكما يلي:

ϭ2g=(ms(gca)-ms(sca)/r(n+2)

ϭ2S=(msca-mse)/r

ϭ2e=mse'

يمكن استخدام اختبار t t=A/√v(gA)

ال CD=Standerd Error*t-tabulated

Standerd error =√variance

$\sigma^2sca=(1+F/2)^2\sigma^2D=Cov.F.S-2CovH.S$:$Co.H.S=\sigma^2gca=(1+F/4)\sigma^2A$

اذ ان $Cov.F.S=[(1+F)/2]\ \sigma^2A+[(1+F)/2]$,

$\sigma^2gca=[(1+F)/2]\ \sigma^2A+[(1+F)/2]\ \sigma^2D-2[(1+F)/4]\ \sigma^2A$, فاذا كانت السلالات نقية فان F1=1 واذا كان التزاوج عشوائي فان F=0 فعندما تكون قيمة F=0 فان المعادلات تكون:

$\sigma^2sca=[(1+0)/4]\ \sigma^2A=1/4\ \sigma^2A$, $\sigma^2sca=[(1+F)/2]^2\ \sigma^2D=1/4\ \sigma^2D$, اما اذا كانت قيمة F=1 فان σ^2A وكذلك $\sigma^2gca=[(1+1)/4]\ \sigma^2A=1/2\ \sigma^2A$ $\sigma^2sca=[(1+1)/2]^2$ $\sigma^2D=\sigma^2D$.كما ان , $\sigma^2E=\sigma^2e/r$, $\sigma^2gca=MSgca-MSsca/(rn+2)$ وذلك فان $\sigma^2sca=MSsca-MSe/r$ ويمكن استخراج التباينات منهافاذا كانت F=1 فان $\sigma^2A=2$

σ^2gca وان σ^2D= σ^2sca , اما اذا كانت قيمة F=0 فان σ^2A=4 σ^2gca وكذلك σ^2D=4 σ^2sca .ويكون التباين المظهري σ^2P=4 σ^2gca+4 σ^2sca+ σ^2e/r .يمكن استخراج قيم نسبة التوريث بالمعنى الواسع والضيق وكذلك التحسين الوراثي المتوقع.

يمكن استخراج الارتباطات المظهرية والوراثية بين ازواج الصفات من خلال جدول تحليل التباين للطريقة الثانية للتصميم ثنائي الاليل وكما يلي:

S.O.V.	Df	Xx	Xy	Yy
Rep.	r-1	Rxx	Rxy	Ryy
Genotypes	[n(n+1)/2]-1	Gxx	Gxy	Gyy
Gca	n-1	Gcaxx	Gcaxy	Gcayy
Sca	[n(n-1)/2]-1	Scaxx	Scaxy	Scayy
Error	(r-1)[n(n+1)/2]-1	exx	Exy	Eyy

فاذا كانت قيمة F=1 فان , σ^2 sca= σ^2D , σ^2gca=1/2 σ^2 A, واذا لم تكن الاباء سلالات نقية اي ان F=0 فان σ^2gca=1/4 σ^2 A, σ^2sca=1/4 σ^2 D كذلك فان

σ^2gca=MSgca-MSex/r(n+2) ,σ^2 sca=MSsca-MSex/r وكذلك σ^2e=Mse/r وكذلك في حالة التباين المشترك

σ^2gcaxy=MSgca xy-MSe xy/r(n+2)=1/2σ^2Axy(F=1)or=1/4σ^2Axy(F0 وكذلك فان

σ^2 sca xy=MSscaxy-MSexy/r=σ^2Dxy(F=1)or=1/4σ^2Dxy(F=0)

: σ^2Axy+ σ^2Dxy= σ^2Gxy, rG= σ^2Gxy/√σ^2Gxy.σ^2Gxy ,

a=√σ^2 D/σ^2A فاذا rP= σ^2Pxy/√σ^2Pxy.σ^2Pxy , وتقدر درجة السيادة من القانون كانت اكبر من واحد فهي سيادة فائقة واذا بين الصفر والواحد فهي سيادة جزئيةواذا واحد فهي سيادة تامة.ويمكن تقدير عدد الجينات التحكمة في الصفة من القانون التالي:

$$N=(\bar{P1} - \bar{P2})/8\sigma^2G.$$

مثال تطبيقي

النتائج التالية تمثل حاصل الحبوب للذرة الصفراء لتجربة تضريب تبادلي 10×10 وبثلاث مكررات : اجري التحليل الكامل وبين المعالم الوراثية التي يمكن تقديرها من هذا التضريب

Entries	R1	R2	R3
p1	65.7	69	71.1
p2	59.7	63	66.8
p3	66	56	59.9
p4	73.2	70	62.1
p5	87.2	63	71.2
p6	66.3	60.1	63
p7	54.6	64.2	60.1
p8	63.1	55.5	57.8
p9	64	61.3	55.5
p10	73.1	65.5	68
1*2	76.92	84.32	104.86
1*3	80.8	105.04	88.66
1*4	74.52	78.22	109.76
1*5	92.56	123.84	128.4
1*6	103.24	119.84	128.35
1*7	60.94	70.86	74.4
1*8	118.88	99.18	91.82
1*9	58.54	62.1	48.08
1*10	89.82	106.52	88.02
2*3	99.76	116.26	110.16
2*4	82.84	80.22	101.26
2*5	87.26	113.96	91.52
2*6	81.62	65.62	59.06
2*7	102.14	109.74	84.16
2*8	79.86	91.44	96.92
2*9	77.52	71.34	77.94
2*10	84.76	119.96	111.44

3*4	86.88	100.86	96.88
3*5	93.26	98.16	109.86
3*6	116.16	100.28	117.2
3*7	123.92	116.48	109.68
3*8	83.28	106.54	80.83
3*9	79.06	76.36	103.14
3*10	90.98	109.66	53.4
4*5	74.46	60.86	53.86
4*6	40.64	48.3	59.96
4*7	52.98	52.48	98.46
4*8	89.18	73.1	81.35
4*9	89.82	72.82	86.62
4*10	90.32	94.18	96.44
5*6	99.14	98.82	140.5
5*7	113.02	125.96	91.44
5*8	42.92	52.88	116.28
5*9	89.46	99.66	91.78
5*10	142.84	129.5	77.8
6*7	69.92	84.82	84.3
6*8	71.5	66.8	66.8
6*9	66.1	99.5	56.7
6*10	90.8	55.3	55.08
7*8	98	88.3	87.9
7*9	86.7	70.7	99.1
7*10	80	66.9	77.2
8*9	73	87	65.7
8*10	85.6	92.1	87
9*10	88	86	91.1