المحاضرة الثامنة (إحصاء وراثي)

التصميم II أو العاملي Design II(Factorial)

يصلح هذا التصميم في النباتات التي تعطي ازهارا كثيرة كالقطن والباذنجان والطماطة وحبوب لقاح كافية ونظام التزاوج بسيط وهو اختيار عدد من التراكيب الوراثية من مجتمع متزن p=q=0.5.
س/لماذا يكون المجتمع متزن؟ لكي نحصل على تقديرات دقيقة للمعالم الوراثية....
يتم اختيار مجموعة من التراكيب عشوائيا ثم يخصص عدد منها كذكور واخر يكون اناثا (الإباء يجب ان تلقح جميع الأمهات في هذا التزاوج أي ان الأمهات نفسها لكل اب).
س/لماذا يفضل هذا التصميم في حالة الازهار المتعددة؟
ان النباتات التي تستخدم كامهات لا تستخدم كاباء كما في الدايليل ولذلك يجب ان تعطي الأمهات والاباء ازهار كثيرة ومستمرة لتوفير حبوب لقاح مستمرة خلال الموسم. لا يعد هذا التصميم مشابه لتصميم الدايليل.
س/ اذا توفرت خمس عشرة سلالة وأريد استخدام خمس سلالات كاباء وعشر سلالات كامهات فما هو مخطط التضريب؟
س/ ما هي العلاقة بين الانسال الناتجة من هذا التضريب؟ نوعين Halfو Full
س/ كل اب مر بتضريب عدد من الأمهات. ما علاقة ذلك بمصادر التباين؟

يستخدم هذا التصميم عندما يراد تضريب عدد من الاباء في عدد من الاناث ويكون عدد التضريبات مساويا لعدد الذكور مضروبا في عدد الاناث (Pm×Pf) , وكما مبين في المخطط التالي:

الذكور	الاناث		
	F1	F2	F3
M1			
M2			
M3			

يقسم التباين بين الهجن الى تباين بين الاباء الذكور وبين الاناث والتداخل بين الاناث والذكور.عندما يكون الاب الذكرمشتركا في جميع التضريبات فيكون التباين بين العوائل نصف الشقيقة CovHSm اما عندما تكون الاناث مشتركة في التضريبات فيكون التباين بين العوائل نصف الشقيقة للاناث: وتكون مكونات التباين الوراثي كما يلي عندما تكون الاباء غير اصيلة اي F=0

CovHSm or CovHSf=1/4 σ^2A+1/16 σ^2 AA+…
وكذلك عندما تكون F=1 فان …+AA σ^2 1/4+A σ^2 CovHSf=1/2 CovHSm or
اي ان التباينات نصف الشقيقة تفيد في حساب التباين التجميعي اما بالنسبة الى التباين السيادي فيستخرج من المعادلة التالية:)-D=Cov.FS σ^2 CovHSf+ CovHSm)
جدول تحليل التباين لهذا التصميم كما يلي:

SOV	df		EMS(fixed)	EMS (random)
Rep.	r-1			
M	m-1	M1	σ^2 e+rfσ^2 m	σ^2 e+rσ^2 mf+rfσ^2 m
F	f-1	M2	σ^2e+rmσ^2 f	σ^2e+r σ^2 mf+rmσ^2 f
M×F	(m-1)(f-1)	M3	σ^2 e+rσ^2 mf	σ^2 e+rσ^2 mf
Error	(Mf-1)(r-1)	M4	σ^2 e	σ^2 e
Total	Mfr-1			

σ^2fm=M3/M4 , σ^2 F=M2-M3/rm , σ^2m=M1-M3/rf
σ^2m=σ^2f=Cov.h.s.=1/4 σ^2A
σ^2fm=Cov.f.s. =1/2 σ^2A + 1/4σ^2 D

$\sigma^2 fm = Cov.f.s - 2(cov.h.s) = 1/4\ \sigma^2 D$

$\sigma^2 D = 4\sigma 2\ mf$

$\sigma^2 A = 4\sigma^2 m = 4\sigma^2 f$

في هذا التصميم تباين الإباء يساوي تباين الأمهات ويساوي ربع التباين المضيف اما تباين الإباء × الامهات فيساوي ربع التباين السيادي.

$$H\ bs = (\sigma^2 A + \sigma^2)/(\sigma^2 A + \sigma^2 D + \sigma^2 e)$$

$$h\ ns = \sigma^2 A/(\sigma^2 A + \sigma^2 D + \sigma^2 e)$$

هذا في حالة تساوي تباين الإباء والامهات واذا لم يتساوى التباينين فيقدر المكافيء الوراثي للإباء والمكافيء الوراثي للامهات.

س/ بماذا يختلف هذا التصميم عن التصميم الأول ؟

س/هل يشترط ان يتساوى تباين الإباء والامهات ؟ كلا . ما هو السبب؟

س/ بماذا تختلف السلالة النقية عن الخط النقي؟

معدل درجة السيادة: $a^- = \sqrt{2\ \sigma^2 D/\sigma^2 A}$

$\bar{a} = \pm 1$ **: complet dominance ,** $\bar{a} > 1$ **over dominance ,**
$\bar{a} < 1$ **:hypodominance ,** $0 \leq \bar{a} < \pm 1$**: partial dominance**

س/ هل نستطيع ان نقدر أنواع السيادة عن طريق المتوسطات ؟

نعم وذلك عن طريق معرفة قوة الهجين ومعرفة ال F1 بالنسبة للابوين وبالاعتماد على السكيل الذي يبين موقع الابوين والجيل الأول الناتج منهما.

ملاحظة :دائما عند تقدير القابلية العامة والخاصة فيمكن استخدام الSE او الLSD لمعرفة الفرق ومناقشة النتائج على ضوء ذلك.

س/ لماذا في التصميم الأول او المتشعب يطرح فقط تباين احد الإباء ؟ لان الأمهات لا توزع عشوائيا على كل الإباء.

$$\sigma^2 m = [MS\ m - MS(m.f)]/rf \quad , \sigma^2 F = [MS\ f - MS\ (f.m)]/rm\ m\ ,$$

$\sigma^2D=MS(m.f)-MSe$, $\sigma^2m=\sigma^2F=(1+F/4)\,\sigma^2A$, $\sigma^2fm=(1+F/2)\sigma^2D$,

فاذا كان F=0 فان $\sigma^2D=4\sigma^2fm$, $\sigma^2m=\sigma^2f=1/2\sigma^2A$, $\sigma^2A=4\sigma^2m=4\sigma^2f$, $\sigma^2 fm=\sigma^2 D$

اما اذا كان F=1 فان $fm=\sigma^2D$, $\sigma^2 m=\sigma^2f=1/2\sigma^2A$, $\sigma^2A=2\sigma^2m=2\sigma^2f$, σ^2

وتكون درجة التوريث عندما F=0: $h^2_{NS}=4\,\sigma^2m\,/(\sigma^2e/rf+\,4\sigma^2fm/f+\,4\sigma^2m)$

اما اذا كانت F=1 فان درجة التوريث تكون:

$h^2_{NS}=2\sigma^2m\,/(\sigma^2e/rf+\,\sigma^2fm/f+\,2\sigma^2m)$ **وهذا في حالة الاعتماد على الذكور,**

اما عند ما يتم الاعتماد على الامهات فتكون نسبة التوريث كما يلي: اولا: عندما تكون F=0 فان

$h^2_{NS}=4\,\sigma^2f\,/(\sigma^2e/rm+\,4\sigma^2fm/m+\,4\sigma^2f)$ **وعندما تكون F=1 فان نسبة التوريث ستكون**

$h^2_{NS}=2\sigma^2f\,/(\sigma^2e/rm+\,\sigma^2fm/m+\,\sigma^2f)$ **اما اذا كان الاعتماد على كليهما ففي حالة F=0 فان**

$h^2_{NS}=2\sigma^2f+2\sigma^2m\,/(\sigma^2e/r+\,\sigma^2fm+\,2\sigma^2f\,+2\sigma^2m)$ **وعندما تكون F=1 فان التوريث تصبح:** $h^2_{NS}=\sigma^2f+\sigma^2m\,/(\sigma^2e/r+\,\sigma^2fm+\,\sigma^2f\,+\sigma^2m)$.

س//ماذا تعني السلالة النقية؟ تعني نباتات ناتجة من تراكيب اصيلة مختارة عشوائيا ومختلفة وراثيا في موقع جيني او اكثر....

مثال: ألبيانات التالية تمثل حاصل نبات القطن لنظام التهجين المتضمن استخدام 4 تراكيب كاباء و3 تراكيب كأمهات اذ زرعت التراكيب الناتجة وفق تصميم القطاعات العشوائية الكاملة وبثلاث مكررات وفيما يلي بيانات البحث:

Genotypes	R1	R2	R3	XI.
m1f1	21	19	16	52
M1f2	22	24	24	70
M1f3	27	28	31	86
M2f1	33	36	35	104
M2f2	39	41	45	125

M2f3	42	49	50	141
M3f1	43	51	57	153
M3f2	61	60	56	177
M3f3	61	60	62	183
M4f1	45	46	45	136
M4f2	49	41	48	138
M4f3	39	42	50	131
X..k	484	499	519	1502

يجرى التحليل الاحصائي والوراثي وكما يلي:

نحتاج الى جدول للm وال m وكما يلي:

	F1	F2	F3	Yi..	y.j
M1	58	70	86	214/9( )	214
M2	104	125	141	370/9( )	370
M3	153	177	183	513/9( )	513
M4	136	138	131	405/9( )	405
	451	510	514		y…=1502
y.j.	451/12=( )	510/12( )	514/12( )		1502/rmf()

Sstot=∑yijk2-(y…)^2/r m f

SSR=(∑Y..k2/mf)-(Y…2/rmf

SSm=∑Yi..2/fr- CF

SSf=(∑Y.j.2/mr)-CF

SSmf=(∑Yij.2/r)-CF

SSe=SSTot-SSr-SS(m)-SS(f)-SS(mf)

ثم تلخص البيانات في جدول تحليل التباين التالي:

SOV	Df	ss	ms	F-Cal	F-ta.05	F-.01
Rep.	2	57.381	25.44			
M	3	5098.778	1699.59	138.866**	3.05	4.82
F	2	348.381	174.194	14.232**	3.44	5.71
Mxf	6	189.389	31.564	2.578*	2.25	3.76
Err.	22	269.278	12.279			
Total	35	5957.22				

ففي هذه الحالة وعندما يكون تحليل التباين معنوي لمصادر التغاير يتم تقدير التاثيرات وفق النموذج الثابت وكما يلي:

$\hat{m}_i = y_{i.} - \bar{y}$,

اذ ان $\bar{y}$: يمثل المتوسط العام و $y_{i.}$: متوسط او معدل مجموع الاب y

M1=23.779-41.722= -17.945

M2=41.14 -41.722= -0.611

M3=57- 41.722=15.275

M4= 45- 41.722= 3.273

$\sum \hat{m} = 0$

اذن التحليل صحيح

وكذلك تاثيرات الأمهات تستخرج وفق نفس الطريقة وكما مبين

$\hat{F}_i = \bar{y}_{.j} - \bar{y}$

F1=37.583-41.722=-4.137

F2=42.5-41.722=0.778

F3=45.08-41.722=3.361

$\sum fi=0$

$(mf\hat{})ij= yij.\bar{} -yi.\bar{} - y.j.\bar{} +y\ldots\bar{}$

$mf\hat{}11=19.333-23.799-37.583+41.722=-0.307$

$mf\hat{}12=23.333-23.777-42.5+41.722=-1.224$

وهكذا لبقية الهجن بحيث يكون مجموعها يساوي صفر مما يدلل صحة طريقة التحليل.

Variance of effects

$V(mi\hat{})=$ **σ^2 e / rf= 12.239/9=1.354**

$V(mf\hat{})=\sigma^2$ e/r=12.239/3=4.079

σ^2 e=mse=12.239

اختبار التاثيرات للنموذج الثابت

F(mi)=ms(m)/mse , F(fi)=ms(fi)/mse

T=effect/√variance of effect

V(m)=ms(m)-mse/rf=1699.592-12.239/3*3=187.483

V(f)=ms(f)-mse/rm=174.194-12.239/3*4=13.496

V(fm)=ms(fm)-mse/r=31.564-12.234/3=6.441

اما في حالة النظام العشوائي فان كل من التغايرات وتباينات التاثيرات تقدر بطريقة مختلفة وكما يلي

σ^2 (f)=ms(f)-ms(mf)/rm , σ^2 (m)=ms(m)-ms(mf)/rf ,

σ^2 (mf)=ms(mf)-ms(e)/r

كما يمكن تقدير التباين لمكونات التباين وكما يلي:

$$\sigma^{2\hat{}}(m)=1/r^2 f^2 [vms(m)+vms(mf)]$$

$$\sigma^{2\hat{}}(f)=1/r2\ m2 [vms(f)+v(ms(mf)]$$

$$\sigma^{2\hat{}}(mf)=1/r2[v(ms(mf)+v(mf)]$$

وباستخدام اختبار t تقارن الاختلافات المعنوية وكما يلي:

$$T= \sigma^2D/\sqrt{v(\sigma^2D)}\ ,\ t= \sigma^2A/\sqrt{v(\sigma^2A)}$$

$$\sigma^2D= \sigma^2mf\ ,\ \sigma^2A= \sigma^2m+ \sigma^2f$$

ومن هذه التباينات تقدر بقية المعالم الوراثية