المحاضره السادسة
في
وراثة الصفات الكمية
Quantitative Genetics

لطلاب المستوي الرابع (برنامج التكنولوجيا الحيوية - وراثة)

أعداد

الاستاذ الدكتور/ جلال الشربينى

أستاذ ورئيس قسم الوراثة بكلية الزراعه - جامعه سوهاج

التلقيح الدائري الكامل Complete diallel mating design

- في هذه المحاضرة يجب ان يكون الطالب ملما بما يلي :

١-كيفية حساب عدد الهجن الناتجة من هذا النظام

٢- تحديد مصادر الاختلاف ودرجات الحرية

٣- كيفية تجزئة التباين الوراثي إلي مكوناته المختلفة

٤- حساب معامل التوريث في المدي الواسع والضيق وتفسير مدلول كل منهما

٥- ملاحظة الفروق بين التهجين النصف دائري والتهجين الدائري.

عدد الهجن :

في هذا التصميم يتم اجراء التلقيحات الممكنه بين الاباء المختارة في كلا الاتجاهين حيث يشمل العدد الكلي من الهجن كلا من الهجن و الهجن العكسية ويكون عدد الهجن الناتجة من التهجين من مجموعة من السلالات (P) يساوي P (P-1) فإذا فرض ان لدينا خمسة اباء مختارة ويراد التهجين بينهما في نظام التهجين الدائري الكامل فيكون عدد الهجن الممكنه هو ٢٠ كما في الشكل التالي :

♂ ♀	A	B	C	D	E
A	X	*	*	*	*
B	*	X	*	*	*
C	*	*	X	*	*
D	*	*	*	X	*
E	*	*	*	*	X

- تصميم التجربة:

لكي يتم تجزئة التباين الوراثي في هذا النظام يجب توفير البيانات عن الصفات المراد قياسها مثل صفة المحصول وذلك من خلال تصميم تجربه بعدد معين من المكررات وغالبا يفضل استخدام تصميم القطاعات كاملة العشوائية (RCBD) في حالة التجارب الوراثية الحقلية حيث يدخل في التصميم كل التراكيب الوراثية المراد اختبارها . وفي هذا النوع من التصميم يتم استخدام الاباء مع الهجن والهجن العكسية أو استخدام الهجن والهجن العكسية دون الآباء ويعتبر كل اب أو كل هجين معاملة مستقلة عن الأخرى وتؤخذ منها قراءة واحدة لكل صفة مدروسة من كل مكررة ويتم تبويب البيانات كما يلي:

Genotypes	R_1	R_2	R_3
A	x	x	x
B	x	x	x
C	x	x	x
D	x	x	x
AXB	x	x	x
BXA	x	x	x
AXC	x	x	x
CXA	x	x	x
AXD	x	x	x
DXA	X	X	X
BXC	x	x	x
CXB	x	x	x
BXD	x	x	x
DXB	x	x	x
CXD	X	X	X
DXC	X	X	X

- الافتراضات الوراثية لتصميم الداياليل:

يعتمد تصميم الدياليل علي الافتراضات الوراثية التالية:

١. أن تكون النباتات ثنائية العدد الكروموسومي
٢. عدم وجود اليلات متعددة.
٣. ان تكون الاباء أصيلة وراثيا.
٤. غياب الارتباط.
٥. عياب التفوق.

- التحليل الإحصائي:

يتم اجراء التحليل الإحصائي لهذا النموذج بطريقتين هما:

١. طريقة جريفنج Griffing's method

٢. طريقة هيمانHayman's method

طريقة جريفنج Griffing's method

يوجد نموذجين لتحليل الداياليل الدائري الكامل بطريقة جريفنج:

النموذج الأول: يشمل عدد التراكيب الوراثية المختبرة الاباء + الهجن+الهجن العكسية وهو P^2 .

النموذج الثاني: يقتصر عدد التراكيب الوراثية المختبره علي الهجن + الهجن العكسية ودون الاباء وهو $p(p-1)$.

- ويمكن توضيح مصادر الاختلافات ودرجات الحرية لهذين النموذجين في الجدول التالي:

S.V	النموذج الاول	النموذج الثاني
Replicates	r-1	r-1
Genotypes	g-1	g-1
GCA	p-1	p-1
SCA	p(p-1)/2	p(p-3)/2
Reciprocal	p(p-1)/2	p(p-1)/2
Erorr	(r-1)(g-1)	(r-1)(g-1)
Total	rg-1	rg-1

- مثال:

في تجربة لتقييم ٤ آباء من الأقماح والهجن الناتجة منها من خلال نظام التلقيح الدائري الكامل باستخدام تصميم القطاعات كاملة العشوائية في ثلاث مكررات. تم أخذ البيانات علي صفة عدد الاشطاء للنبات .كما في الجدول التالي احسب مكونات التباين الوراثي المختلفة طبقاً لنظام التلقيح الدائري الكامل وذلك بطريقة جريفينج النموذج الأول؟

Genotypes	R_1	R_2	R_3	Total	Mean
P_1	7	6	5	18	6
P_2	8	7	6	21	7
P_3	8	9	7	24	8
P_4	8	7	9	24	8
1x2	10	9	8	27	9
2x1	12	11	13	36	12
1x3	11	11	8	30	10
3x1	13	12	11	36	12
1x4	12	12	9	33	11
4x1	22	18	20	60	20
2x3	11	9	10	30	10
3x2	16	17	12	45	15
2x4	13	12	11	36	12
4x2	23	20	23	66	22
3x4	14	13	12	39	13
4x3	20	16	18	54	18
Total	208	189	182	579	193

يتم تصميم جدول ال ANOVA

S.V	D.F	S.S	M. S	F cal.
Replicates	2	22.63	11.32	
Genotypes	15	962.82	64.19**	42.51
Error	30	45.36	1.51	
Total	47	1030.81		

$C.F = (579)^2 / 16X3 = 6984.18$

$TSS = (7)^2 + \ldots\ldots + (18)^2 - 6984.18 = 1030.81$

$GSS = (18)^2 + \ldots\ldots + (54)^2/3 - 6984.18 = 962.82$

$RSS = (208)^2 + (189)^2 + (182)^2/16 - 6984.18 = 22.63$

$ESS = TSS - (GSS + RSS) = 45.36$

- يتم تبويب متوسطات الاباء والهجن في جدول التالي :

	Genotypes				
	P_1	P_2	P_3	P_4	$Y_{i.}$
P_1	**6**	9	10	11	36
P_2	12	**7**	10	12	41
P_3	12	15	**8**	13	48
P_4	20	22	18	**8**	68
$Y_{.j}$	50	53	46	44	193
$Y_{i.}+Y_{.j}$	86	94	94	112	386

- Total $Y_{..}=\Sigma(Y_{i.}+Y_{.j})/2=386/2=193$

تجزئة متوسط مربعات قيم التراكيب الوراثية (GSS)

- 1- GCA SS= $[(Yi.+Y.j)^2 /2p - 2Y^2.. /p^2]$

  $= [(86)^2+..+(112)^2/8-2(193)^2/16]=45.37$

2-SCA SS=$1/2\Sigma Y_{ij} [(Y_{i.j}+Y_{ji})] -1/2p \Sigma (Y_{i.} +Y_{ji})^2 +1/p^2 Y^2_{..}$

$=1/2 \Sigma[6(6+6)+9(9+12)+..+13(13+18)+ 8(8+8)]-4701.5$

$+2328.06=1054.5- 4701.5+2328.06=153.57$

3-RSS=$1/2 \Sigma(Y_{ij}-Y_{ji})^2=1/2[(9-12)^2+\ldots+(13-18)^2]=122$

- GSS=r(GCASS+SCASS+RSS)=3X45.37+122+153.57=962.82

Ess= Ess/r=45.36/3=15.12

S.V	D.F	S.S	M. S
Genotypes	15	962.82	64.188
GCA	3	45.37	15.12 M_4
SCA	6	153.57	25.60 M_3
R.	6	122	20.33 M_2
Error	45	15.12	0.34 M_1

تقدير مكونات التباين الوراثي النموذج العشوائي (Random model)

- σ^2 g(variance of GCA) $=1/2p[M_4 - \frac{[M_1 + p(p-1)XM3]}{p^2-p+1}$

  $= -1.07$
- σ^2 s (variance of SCA) $=p^2/2(p^2-p+1)[M_3-M_1]$

  $= 15.66$

σ^2 r= ½(M_2-M_1)=9.99

- σ^2 e (variance of Error) = M_1= 0.34

وعلي ذلك يمكن حساب مكونات التباين الوراثي من القيم السابقة كما يلي:

1- additive variance (σ^2 A):

σ^2 g= COV HS= $\frac{(1+F)}{4}$ σ^2 A

where F= Inbreeding coefficient

when F=1 (inbreed lines)

σ^2 g =1/2 σ^2 A= -1.07

σ^2 A =2 X- 1.07= -2.14

- Dominance variance (σ^2 D):
- σ^2 s=COV FS – 2 COV HS=

$$= \frac{(1+F)}{2} \sigma^2 A + \frac{(1+F/2)^2}{} \sigma^2 D - 2\left[\frac{(1+F)}{4} \sigma^2 A\right]$$

when F=1 (inbreed lines)

σ^2 s= σ^2 A + σ^2 D – σ^2 A

σ^2 s = σ^2 D =15.66

σ^2 D = 15.66

معامل التوريث

- اولا: معامل التوريث في المدي الواسع
- Heritability in broad sense
- $H^2_{bs}\ \% = \dfrac{\sigma^2 A + \sigma^2 D}{\sigma^2 A + \sigma^2 D + \sigma^2 r + \sigma^2 e} \times 100$

$= (-2.14 + 15.66 / -2.14 + 15.66 + 9.99 + 0.34) \times 100$

$= (13.52/23.85) \times 100 = 56.68\%$

ثانيا: معامل التوريث في المدي الضيق

Heritability in narrow sense

- $H^2_{ns}\ \% = \dfrac{\sigma^2 A}{\sigma^2 A + \sigma^2 D + \sigma^2 r + \sigma^2 e} \times 100$

$= -8.97\%$

تدريبات

- في تجربة لتقييم عدد ٥ سلالات من القمح والهجن الناتجة منها في نظام التهجين التلقيح الدائري وذلك في قطاعات كاملة العشوائية بثلاث مكررات وتم تحليل التجربة وكانت النتائج كما يلي:
- GSS=1800 - ESS= 57.6 - SCASS= 250
- Rec.SS=100
- احسب :

١- مكونات التباين الوراثي المختلفة

٢- معامل التوريث في المدي الواسع و الضيق موضحا مدلوله