منشورات جامعة دمشق
كلية الزراعة



علم التحسين الوراثي للحيوانات الزراعية

د. بسلم سعد الله عيسى
الأستاذ المساعد في قسم الإنتاج الحيواني

جامعة دمشق : ١٤٢٦ - ١٤٢٧
٢٠٠٥ - ٢٠٠٦

Scanned with ACE Scanner

فهرس الموضوعات

الموضوع	الصفحة
المقدمة	١١
الفصل الأول	١٣
أسس دراسة العشائر	١٥
١-١ تعريف العشيرة	١٥
١-٢ التكرار الوراثي وتكرار المورثات	١٧
١-٣ العوامل المؤثرة في التوازن الوراثي	٢٧
١-٣-١ التزاوج المنتظم	٢٧
١-٣-٢ الهجرة	٢٩
١-٣-٣ الانتخاب	٣٠
١-٣-٤ الانحراف الوراثي	٣٤
١-٣-٥ الطفرة	٣٥
١-٤ البناء الوراثي للعشيرة في حالات معقدة	٣٧
١-٤-١ القرائن المتعددة	٣٧
١-٤-٢ المورثات المرتبطة بالصبغيات الجنسية	٣٩
الفصل الثاني	٤٣
القيم المتوسطة والآثار الوراثية للصفات الكمية	
٢-١ نموذج تشكيل الصفة .	٤٥
٢-٢ مكونات قيم الصفات المظهرية .	٤٦
٢-٣ متوسط العشيرة والآثار الوراثية لموقع وراثي واحد .	٤٩
٢-٣ - ١ متوسط العشيرة .	٥٠
٢-٣-٢ آثار وتأثير المورثات .	٥٢
٢-٤ علاقات آثار المورثات بمكونات قيمة النموذج الوراثي	٥٥

Scanned with ACE Scanner

الفصل الثالث ٦٣

التباين والتباين المشترك

٣ - ١ تباين الصفات . ٦٥

٣ - ١ - ١ مكونات التباين المظهري . ٦٧

٣ - ١ - ٢ مكونات التباين الوراثي لمواقع وراثي ما . ٦٨

٣ - ٢ التباين المشترك بين الأفراد الأقارب . ٧٢

٣ - ٢ - ١ - تعريف وأهمية التباين المشترك . ٧٢

٣ - ٢ - ٢ - استنتاج التباين المشترك بين الأهل والنسل. ٧٤

٣ - ٢ - ٣ - استنتاج التباين المشترك بين الأخوة . ٧٧

٣ - ٣ - الطريقة الشاملة لاستنتاج التباين المشترك لعدد n من المواقع ٧٩

٣ - ٣ - ١ التوائم المتطابقة . ٨٠

٣ - ٣ - ٢ الأخوة الأشقاء . ٨٢

٣ - ٣ - ٣ الأخوة أنصاف الأشقاء ٨٣

٣ - ٣ - ٤ الأهل والنسل . ٨٣

الفصل الرابع ٨٥

المؤشرات الوراثية للعشائر

٤ - ١ مؤشرات العشيرة . ٨٧

٤ - ٢ المكافئ الوراثي . ٨٨

٤ - ٢ - ١ تقدير المكافئ الوراثي ٩٢

٤ - ٢ - ١ - ١ تقدير المكافئ الوراثي من دون انتخاب . ٩٢

٤ - ٢ - ١ - ١ - ١ تحليل التباين بين الأخوة الأشقاء وأنصاف الأشقاء ٩٢

٤ - ٢ - ١ - ١ - ٢ تحليل العلاقة بين الأهل والنسل . ٩٨

٤ - ٢ - ٢ تقدير المكافئ الوراثي بعد الانتخاب . ١٠٢

٤ - ٣ الارتباط الوراثي . ١٠٤

٤ - ٣ - ١ تقدير معامل الارتباط الوراثي من خلال تحليل الارتباط أو الانحدار . ١٠٥

٤ - ٣ - ٢ تقدير الارتباط الوراثي بواسطة تحليل التباين والتباين المشترك للأخوة . ١٠٨

٤ - ٤ معامل التكرار . ١١٠

Scanned with ACE Scanner

الفصل الخـــامـــس	١١٣
اختبـــــارات الإنتـــــاج	
٥ – ١ الأسس العامة لتنفيذ اختبارات الإنتاج .	١١٥
٥ – ٢ وظائف ومهام اختبارات الإنتاج .	١١٨
٥ – ٣ اختبار نتائج الأسلاف .	١٢٠
٥ – ٤ اختبار الإنتاج الذاتي .	١٣١
٥ – ٤ – ١ توافر معلومة مباشرة من حيوان التربية .	١٣٢
٥ – ٤ – ٢ توافر معلومة غير مباشرة (صفة مساعدة) من حيوان التربية	١٣٤
٥ – ٥ اختبار إنتاج الأخوة	١٣٥
الفصل السادس	١٤١
تقدير القيمة التربوية	
٦ – ١ تعريف القيمة التربوية .	١٤٣
٦ – ٢ المعارف والأسس اللازمة لتقدير القيمة التربوية .	١٤٤
٦ – ٢ – ١ نموذج تشكيل الصفات .	١٤٤
٦ – ٢ – ٢ العوامل الثابتة والعوامل العشوائية .	١٤٦
٦ – ٢ – ٣ أسس التقدير (Blue , Ml , Ls) .	١٤٦
٦ – ٣ المقاييس الضرورية لتقدير القيمة التربوية .	١٤٨
٦ – ٤ أهداف تقدير القيمة التربوية	١٥٥
٦ – ٥ طريقة الـ Blup لتقدير القيمة التربوية .	١٥٩
الفصل السابع	١٦١
الانتخاب the selection	
٧ – ١ الانتخاب في التحسين الوراثي .	١٦٣
٧ – ٢ الأسس الوراثية للانتخاب .	١٦٤
٧ – ٣ النموذج الوراثي البسيط للعشيرة .	١٦٥

Scanned with ACE Scanner

٧ - ٤ النموذج الوراثي الموسع للعشيرة ١٧١
٧ - ٥ الانتخاب الموجه في حالة التوزع الطبيعي. ١٧٣
٧ - ٦ النجاح الانتخابي المباشر وغير المباشر . ١٧٩
٧ - ٧ الانتخاب الثابت . ١٨١

الفصل الثامن ١٨٧
الدليل الانتخابي
٨-١ أسس الإنشاء في حالة النموذج الوراثي البسيط للعشيرة ١٩٠
٨-٢ تحديد عامل الوزن ai ١٩٦
٨-٣ إمكانيات استخدام الدليل الانتخابي ١٩٨
٨-٣-١ الدليل الانتخابي البسيط ١٩٨
٨-٣-٢ دليل القيمة التربوية ٢٠٠

الفصل التاسع ٢٠٧
طرائق التربية
٩-١ مقدمة في طرائق التربية. ٢٠٩
٩-٢ تصنيف طرائق التربية ٢١١
٩-٣ أهداف طرائق التربية ٢١٢
٩-٣-١ تربية المحافظة على السلالات. ٢١٢
٩-٣-٢ التحسين باستخدام عشيرة واحدة ٢١٤
٩-٣-٣ التحسين باستخدام عدة عشائر ٢١٥
- خلط التنحية ٢١٥
- تشكيل سلالات جديدة ٢١٦
٩-٣-٤ الخلط الإنتاجي البسيط ٢١٨
٩-٣-٥ الاستفادة من الآثار الوراثية غير المتراكمة ٢١٩
٩-٤ التربية الداخلية ٢٢٠
٩-٥ الحجم الفعال للعشيرة و التربية الداخلية. ٢٢٥

Scanned with ACE Scanner

٩-٦ التربية الداخلية في برامج التزاوج المنظمة ٢٢٦
٩-٧ آثار و استعمالات التربية الداخلية ٢٢٨

الفصل العاشر ٢٣٣
تفـــاعل الحيــوان - والبيئة
١٠- ١ مقدمة في تفاعل الحيوان والبيئة . ٢٣٥
١٠- ٢ نماذج لتسجيل تفاعل الحيوان - و البيئة ٢٣٨
١٠- ٢ - ١ نموذج falconer 1952 ٢٣٨
١٠ - ٢ - ٢ نموذج تحليل التباين . ٢٤٠
١٠ - ٣ مقارنة بين النماذج . ٢٤٥
١٠ - ٤ طرائق التقدير . ٢٤٦
١٠- ٤ - ١ طرائق التقدير لنموذج falconer . ٢٤٧
١٠ - ٤ - ٢ طرائق التقدير لنموذج تحليل التباين . ٢٥١
١٠ - ٥ الانتخاب وتفاعل الحيوان - والبيئة . ٢٥٤

الفصل الحادي عشر ٢٥٩
مسائل هامة في التحسين الوراثي
١١- ١ المجموع الوراثي وأهمية تحليله للتحسين الوراثي . ٢٦١
١١-٢ نقل المورثات . ٢٦٢
١١-٣ التحسين الوراثي لصفات التناسل . ٢٦٣
١١- ٣-١ معايير التناسل في الحيوانات الذكور . ٢٦٣
١١-٣-١-١ الشبق والقدرة على القفز . ٢٦٣
١١ -٣-١-٢ إنتاج السائل المنوي - نوعية السائل المنوي وقدرة الإخصاب . ٢٦٤
١١-٣-٢ صفات التناسل عند إناث الحيوانات . ٢٦٥
١١-٤ التضاد الوراثي . ٢٦٧
١١-٤-١ التضاد الوراثي بين إنتاج الحليب والخصوبة . ٢٦٨

Scanned with ACE Scanner

١١-٤-٢ التناقض بين الحجم الكبير / الاكتناز باللحم وصعوبة الولادة . ٢٦٩
١١-٤-٣ التضاد بين الاستغلال الأمثل للعلف وكبر حجم الحيوان . ٢٧٠
١١-٤-٤ التضاد بين إنتاج الحليب وإنتاج اللحم . ٢٧٠
١١-٤-٤-١ العلاقة بين وزن البقرة الصغيرة وإنتاجها من الحليب في الموسم الأول . ٢٧١
١١-٤-٤-٢ العلاقات بين إنتاج الحليب ومقاييس جسم البقرة . ٢٧٢
١١-٤-٤-٣ العلاقات بين صفات الحليب ووزن الجسم عند الأبقار . ٢٧٤
١١-٤-٤-٤ العلاقات بين صفات الذبيحة وإنتاج الحليب . ٢٧٥
فهرس المصطلحات ٢٧٧
فهرس المراجع العلمية ٢٨١

Scanned with ACE Scanner

مقدمة

إن هذا الإصدار لكتاب علم التحسين الوراثي للمجترات يتناول الأسس العلمية والمعارف الوراثية العامة للتحسين الوراثي لكل أنواع المجترات . فهو لا يعالج المسائل الخاصة في التحسين الوراثي لكل نوع ، بل يترك هذا الشأن ليتم تداوله في أحد المقررات التدريسية المناسبة .

إن التحسين الوراثي عملٌ منظم يسعى لتحقيق أهداف محددة . فهو بذلك يبتعد كل البعد عن الفوضى والغموض والضياع .

إن التحسين الوراثي مجموعة من المراحل المتتالية والمتسلسلة ،ويقوم على التقويم والانتخاب وطرائق التربية . هذه المراحل تحكمها بعض المقاييس التربوية والوراثية ؛ لذلك وجب بادئ ذي بدء تقدير هذه المقاييس بشكل موضوعي وعلمي ووضعها تحت التصرف قبل الشروع بتنفيذ برامج التحسين الوراثي . إن التقدير الموضوعي يقصد به أخذ المعطيات من محطات خاصة بالتربية أو تلك التي تنطبق عليها شروط محطات التربية فقط .

يعدُّ التحسين الوراثي نسيجاً تشترك في حياكته كل من المعارف الوراثية والإحصائية الحيوية ؛ لذلك يتطلب فهمه وإدراكه الإلمام الجيد بهذه العلوم الحيوية الرياضية . واليوم يتطلع علم التحسين الوراثي التقليدي إلى الوراثة الجزيئية والتقانات الحيوية على أنها أساليب واعدة ستساهم في تطويره .

وأخيراً أحب أن أشير إلى نقطة مهمة في إصدار هذا الكتاب وهي أنني اعتمدت بشكل كبير على خبراتي العلمية والعملية أثناء عملي كخبير مستشار للتحسين الوراثي في وزارة الزراعة والإصلاح الزراعي ، وعلى قراءاتي للمراجع العلمية المتنوعة .

Scanned with ACE Scanner

فالأفكار المصوغة في هذا الكتاب تحمل بين أسطرها مزيجاً فكرياً لاستنتاجات متنوعة . لا تخص مرجعاً علمياً محدداً ، لذلك لم أذكر في الفصول المدروسة أسماء محددة من المراجع العلمية ماعدا بعض الاستثناءات التي تم فيهـا نقـل كامل للمعلومات كالجداول والخطوط البيانية .

واقتصرت على ذكر ذلك في فهرس المراجع العلمية .

أخيراً أحب أن أشكر كل من ساهم بإنجاز هذا الكتاب وأتمنى للطلاب النجـاح والتوفيق ، وأعتذر سلفاً عن الأخطاء الفنية التي يمكن أن تظهر .

المؤلف

Scanned with ACE Scanner

أسس وراثة العشائر

١ – ١ تعرف العشيرة (population) بشكل عام إنها مجموعة أفراد تتناسل وتتكاثر جنسياً بالتزاوج حصراً فيما بينها ؛ لذلك تتصف أنها تملك في رصيدها الوراثي كمية من المورثات المتطابقة ، مما يؤدي إلى تميزها (مورفولوجيا أو فيزيولوجيا ....الخ) عن بقية أفراد العشائر النباتية أو الحيوانات الأخريات .

أما العشيرة الحيوانية فتعرف بأنها سلالة أو مجموعة حيوانية تعيش في منطقة جغرافية معينة ، وتملك المواصفات الخاصة بالعشيرة الأنفة الذكر .

وبناء على ذلك تحقق خطوط التربية (line breeding) المشكلة داخل السلالات لأغراض تربوية معينة ، شروط العشيرة ، بينما يكون هذا الأمر غير وارد بالنسبة للثيران الصغيرة الموجودة في إحدى محطات اختبار الثيران . وفي هذا السياق يميز المربون بين العشيرة المغلقة والعشيرة المفتوحة ، ففي الأولى يمنع إدخال الحيوانات إليها بقصد التكاثر ، بينما يكون هذا الأمر مسموحا به في العشيرة المفتوحة ، وهنا يشترط أن ينحدر القسم الأكبر من أفراد النسل من العشيرة الأساسية ، لتتمكن من المحافظة على معظم صفاتها.

إن التنقل بين الشكلين المغلق والمفتوح وارد في الحيوانات الداجنة ، ففي مرحلة تربية الخلط والتي تمر بها أغلب السلالات خلال تطورها تكون العشيرة بالشكل المفتوح وبعد تحقيق درجة الخلط المناسبة ، تنتقل العشيرة إلى الشكل المغلق ويمنع إدخال الحيوانات إليها .

Scanned with ACE Scanner

إن الأساليب الإحصائية المستخدمة – غالباً – في علم وراثة العشائر تتطلب عدداً لا نهائيا من الأفراد بغية تقصي الحقائق وبكل دقة ممكنة . ولصعوبة تحقيق هذا الشرط في العشيرة الحيوانية ، يمكن اعتبار الحجم الكبير للعشيرة بديلا مهماً يساعد في تحقيق أغراض الدراسة والبحث .

إن علم وراثة العشيرة يدرس التركيب الوراثي وتطوراته في العشيرة ، وهو عبارة عن تركيب الوراثة الماندلية الكلاسيكية والطرائق الإحصائية الرياضية .

وتنبثق أهميته من النقطتين التاليتين :

أ – لا يحتل توريث الصفات الإفرادية من آباء محددين إلى أفراد نسلهم مركز الاهتمام في الدراسات ، إنما تستخدم قوانين ماندل المعروفة والناظمة لهذا التوريث لتحليل البناء الوراثي للعشائر وتطور تشكيلاته .

ب_ تعدّ الصفات الكمية الهدف الأهم للدراسة والبحث ، لكنها لا تصلح لطرائق ماندل الوراثية .

إن طرائق وراثة العشائر تعدّ مناسبة للتحسين الوراثي للحيوانات الزراعية للسببين التاليين :

١– التحسين الوراثي يهدف إلى إجراء تحسين وراثي لكل العشيرة ، وليس لأفراد محددين .

٢– إن معظم الصفات الإنتاجية المهمة تربوياً في الحيوانات هي صفات كمية .

إن الأساليب المعمول بها في أبحاث وراثة العشائر والمعارف المنبثقة عنها تشكل اليوم أساسا لتخطيط وتنفيذ برامج التحسين الوراثي للحيوانات

Scanned with ACE Scanner

الزراعية ، كما تمكن من تحقيق أهداف التحسين الوراثي خـــلال فتـــرات زمنية قصيرة . الدراسات التالية تعالج موضوعات في دراسة العشائر تنال أهمية خاصة في التحسين الوراثي .

١ – ٢ التكرار الوراثي وتكرار المورثات

إن الوصف الوراثي لعشيرة ما يتطلب تحديد النماذج الوراثية لأفرادهـــا من جهة وإلى نسبة مشاركة هذه النماذج في المجموع العام للعشيرة من جهـــة ثانية . وهذه المسألة تعدّ سهلة إذا تعلق الأمر بمورثة جسمية واحـــدة تشـــرف على إنتاج صفة نوعية واحدة ، يسمح نموذجها المظهـــري بتحديـــد النمـــوذج الوراثي الخاص بها .

إن المعارف في أسس الوراثة تشير إلى أن هذا الأمر يمكن تحقيقه فـــي حالة التوريث البيني (التوسطي) أو السيادة الجزئية وتصبح المسألة أكثر تعقيداً في السيادة التامة لاستحالة التمييز مظهرياً بـــين النمـــاذج الوراثيـــة الخليطـــة والأصلية .

مبدئياً ولتسهيل فهم المسألة سنتناول في دراستنا موقعاً وراثيـــاً واحـــداً ، يتوافر لها القرينان المختلفان A_1,A_2 في العشيرة . وبناء علـــى ذلـــك فـــإن النماذج الوراثية المحتمل ظهورها في العشيرة هـــي : A_2A_2,A_1A_2,A_1A_1 ونرمز للتكرار المطلق لظهور هذه النتائج ب R,H,D على التـــوالي ، أمـــا مجموع العشيرة فنرمز له بـــ N و الذي يتشكل من

$$N = D + H + R \qquad (١ - ١)$$

Scanned with ACE Scanner

إلا أن الأعداد المطلقة لا تعبر كثيراً في حالة المقارنة بين عشائر مختلفة الحجم ؛ لذلك نستخدم ما يسمى بالتكرار النسبي لنماذج الوراثيـــة ،أو **التكـــرار الوراثي** ، والذي ينتج عن قسمة الأعداد المطلقة للنمـــاذج (R,D,H) علـى مجموع أو حجم العشيرة N . ونرمز للتكرار الوراثي بـــ r , d , h كما يبين الجدول (١ – ١) :

النموذج	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2	المجموع
عدد النماذج	D	H	R	D+H+R=N
التكـــــرار الوراثي	$d=\frac{D}{N}$	$h=\frac{H}{N}$	$r=\frac{R}{N}$	d + h + r = 1
عـــــدد المورثات A_1	2D	H	–	–
عـــــدد المورثات A_2	–	H	2R	2(D+H+R) = 2N

مقياس وصفي آخر للعشيرة يستخدم في هذا السياق هو **تكرار المورثات** وهو عبارة عن نسبة المواقع الوراثية المشغولة بقرين ما على العدد الإجمـالي للمواقع الوراثية المشغولة بالقرائن الأخرى . بالنسبة للحالة التي ندرسها يكون تكرار A_1 الجزء النسبي للمورثة A_1 من المجموع الكلي للمورثة A . ونرمز

Scanned with ACE Scanner

لهذا التكرار بـــ P . يبلغ عدد المورثات الكلي 2N ، لأن كل فرد من النماذج الوراثية يملك مورثتين .

أما عدد مورثات A_1 فيساوي إلى 2D + H لامتلاك الحيوانات متماثلة اللواقح مورثتين ، بينما الأفراد الخليطة اللواقح تمتلك مورثة واحدة . فحســـب تعريف تكرار المورثة نستنتج قيمة P من الشكل التالي :

$$p = \frac{2D + H}{2N} \quad (١-٢)$$

وبشكل مماثل نحصل على تكرار المورثة A2 والذي نرمز له بـــ q :

$$q = \frac{2R + H}{2N} \quad (١-٣)$$

كما يمكن حساب تكرار المورثة من التكرار الوراثي حسب الشكلين التاليين :

$$p = d + 1/2\,h \quad (١-٤)$$

$$q = r + 1/2\,h \quad (١-٥)$$

<u>مثال :</u>

عشيرة من ماشية الشورتهورن تتألف من (٢٤٠٠) حيوان تتوزع على الشكل التالي: (١٥٣٦) حيوان أحمر و (٧٦٨) حيوان قرميدي ، و (٩٦) حيوان أبيض .

ما هو التكرار الوراثي وتكرار المورثات في هذه العشيرة ؟

Scanned with ACE Scanner

سوف نستعمل في حل هذه المسألة الرموز المستخدمة في دراستنا ، لذلك سنعطي المورثة المسؤولة عن اللون الأحمر الرمز A_1 والمورثة المسؤولة عن اللون الأبيض الرمز A_2 . وكما هو معروف في الوراثة النوعية ، فإن الحيوانات الحمراء هي متماثلة اللواقح بالنسبة لـ A_1 والحيوانات البيضاء متماثلة اللواقح بالنسبة لـ A_2 ، أما الحيوانات ذات اللون القرميدي فهي مختلفة اللواقح ؛ لذلك فإن:

$$D = 1536 , \qquad H = 768 , \qquad R = 96$$

في الجدول (١-٢) تعرض النقاط الضرورية للإجابة على سؤال المسألة :

النموذج	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2	المجموع
عدد النماذج	1536	768	96	2400
التكرار الوراثي	$\frac{1536}{2400} = 0.64$	$\frac{768}{2400} = 0.32$	$\frac{96}{2400} = 0.04$	1
عدد المورثات A_1	3072	768	-	
عدد المورثات A_2	-	768	192	4800

جدول (١-٢)

Scanned with ACE Scanner

باستخدام الأشكال الخاصة بحساب تكرار المورثة ينتج لدينا :

$$P = \frac{768 + 1536x2}{4800} = 0.8$$

$$q = \frac{768 + 96\ x\ 2}{4800} = 0.2$$

ويمكن أن نستخدم التكرار الوراثي لحساب تكرار المورثات كالتالي :

$P = d + 1/2\ h = 0.64 + 0.16 = 0.8$

$q = r + 1/2\ h = 0.04 + 0.16 = 0.2$

١-٢ – ١ قانون هاردي – واينبرغ Hardy – Weinberg rule :

ينص قانون التوازن الوراثي للعشيرة المكتشف من قبل كل من الباحثين الإنكليزي هاردي والألماني واينبرغ عام ١٩٠٨ على أن كلا المقياسين الوصفيين لعشيرة ، أي التكرارات الوراثية وتكرار المورثات ، يرتبطان بعلاقة ما ،ويبقيان ثابتين على مر الأجيال ، أي أن العشيرة لا تتغير وراثياً وذلك تحت ظروف معينة . أما هذه الظروف فتشمل التزاوج العشوائي وغياب كل من التزاوج المنتظم والانتخاب والطفرات والهجرة والانحراف الوراثي .

إن توافر عشيرةٍ ما تحقق الشروط الأنفة الذكر يعدّ حالة مثالية ، ومن الصعب مصادفتها في الطبيعة أو في محطات التربية ، لكنها تعدّ نوعاً من التجرد الجيد لفهم التغييرات الوراثية في العشائر .

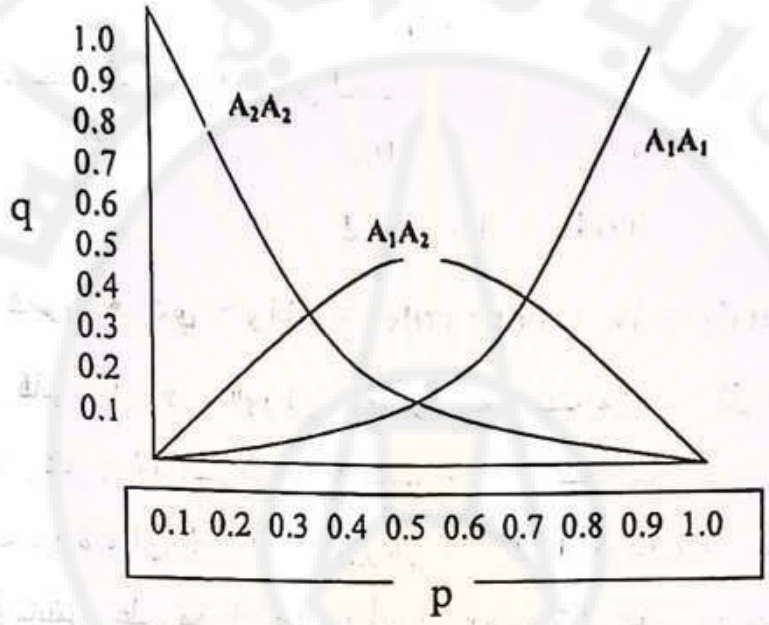
أما التزاوج العشوائي penmixia فيقصد به : أن كل فرد من الجنسين يملك الاحتمال نفسه للالتقاء بفرد من الجنس الآخر للتكاثر . فهو يستبعد بذلك

Random mating

Scanned with ACE Scanner

أي اختيار لشركاء التزاوج وبالنسبة للشروط الأخرى ، فستشرح في الفقـرات الخاصة بدراستها .

إن قانون هاردي واينبرغ يصرح أن ***التكرارات الوراثية لعشيرة مثاليـة ما تتحدد من خلال تكرار مورثاتها*** كما يبين ذلك المخطط (١ – ١) .



مخطط (١ – ١) يشير إلى العلاقة بين تكرار المورثات والتكرار الوراثي تحت شروط هاردي – واينبرغ

وأريد أن أشرح هذه النقطة في عشيرة فيها تكرار المورثات p و q لكل من A_1 وA_2 . ففي الجدول (١–٣) يبين تكرار تشكيل الأمشاج gamet .

الأمشاج الأنثوية وتكراراتها	الأمشاج الذكرية وتكراراتها	
	A_1 P	A_2 q
p A_1	P^2 A_1A_1	Pq A_1A_2
q A_2	Pq A_2A_1	q^2 A_2A_2

الجدول (١–٣) تكرار تشكيل الأمشاج في عشيرة التزاوج فيها عشوائي

Scanned with ACE Scanner

إن حساب تكرار البيضة المخصبة Zygote يتم وفق قانون الاحتمالات الذي يصرح في أحد موضوعاته أن احتمال ظهور متوافق لحدثين يماثل شرط احتمالات الأحداث الفردية ، طالما أن الحدثين مستقلان عن بعضهما البعض . وهنا يعمل التزاوج العشوائي على تحقيق هذه الاستقلالية . إن ظهور المشيجات بالأليلات A1 و A2 يعدّ حدثاً يتطابق تكراره مع تكرار المورثات كما تفسر هذه التكرارات على أنها احتمالات الظهور . أما توزع النماذج الوراثية في الجيل الأول فيعرضه الجدول (١-٤) .

النموذج الوراثي	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2
تكرار النموذج في الجيل الأول	$P^2 = d_1$	$2pq = h_1$	$q^2 = r_1$

جدول(١-٤) تكرار النماذج الوراثية في عشيرة مثالية فيها تكرار المورثات يبلغ p و q

نلاحظ من الجدول أن تكرار النماذج الوراثية يتم حسب القاعدة : (p2 , 2pq , q2) وبالنسبة للنموذج الوراثي الخليط يوجد احتمالان لتشكله ، وذلك بحسب جهة انحدار المورثات (A1 من الأب و A2 من الأم وبالعكس).

ولتحديد تكرارات المورثات p1و q1 في الجيل الأول F1 نستعمل الأشكال الرياضية (١-٤) و (١-٥) فنحصل على :

$$p_1 = d_1 + 1/2\ h \qquad (١-٦)$$

$$q_1 = r_1 + 1/2\ h \qquad (١-٧)$$

وحسب الجدول (١-٤) فإن $p^2 = d_1$ و $2pq = h^2$ و $r_1 = q^2$. أي أنه بعد الاستبدال في الشكلين (١ – ٦) و (١ – ٧) ينتج أن :

$$P_1 = p^2 + pq$$

Scanned with ACE Scanner

$$= p(p+q)$$

$$= p \qquad (٨-١)$$

و

$$q_1 = q^2 + pq$$

$$= q(p+q)$$

$$= q \qquad (٩-١)$$

وبهذا نبرهن أنه تحت شروط هاردي – واينبرغ لا يتغير تكـرار المورثـات لإحدى العشائر ، الأمر الذي يؤدي أيضاً إلى إبقاء توزع النماذج الوراثية ثابتاً ويمكن أن نستنتج أيضاً : أنه في حال حدوث خلل في التوازن الوراثي نـاتج عن مؤثر خارجي ، فإنه بعد جيل من التزاوج العشوائي يعود التوازن الوراثي للعشيرة مباشرة من جديد بشكل يناسب التكرار الجديد للمورثات .

في الدراسة السابقة المتعلقة بتشكيل الأمشاج الجدول (١-٣) كانت الفكرة الأساسية للدراسة هي أن هذه الأمشاج الحاملة لمختلف المورثات الموجودة في العشيرة تتشكل وتلتقي بشكل حر . لكن في الواقع تنتج الحيوانـات المحـددة للتزاوج خلايا تناسلية تتناسب ونموذجها الوراثي ، وتنشأ عـن ذلـك بيـوض مخصبة محددة فعند تزاوج حيوانات من النموذج الوراثي A_1A_1 فإن الأمشاج المتشكلة تحمل المورثة A_1 فقط ، ولذلك ينتج عن هذا التزاوج نسل له نفـس النموذج الوراثي للآباء وهنا يراد البرهان على أنه تحـت ظـروف التـزاوج العشوائي يبقى القانون المستنتج صالحاً دون أية قيود . ففي الجـدول (١-٥) تعرض أشكال التلقيح الممكنة .

Scanned with ACE Scanner

إن قراءة الجدول المذكور تتم على النحو التالي : في عشيرة مثالية يبلغ فيها تكرار المورثات A1 و A2 قيمة q p على التوالي يظهر النموذج الوراثي A1A1 في كلا الجنسين بتكرار يبلغ d = p2 وإن احتمال التقاء شريكي التزاوج من هذا النموذج الوراثي يبلغ d2 ويحمل

		A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2
$A_1A_1 \times A_1A_1$	d^2	A_1A_1	-	-
$A_1A_1 \times A_1A_2$	2 dh	dh	dh	-
$A_1A_1 \times A_2A_2$	2dr	-	2dr	-
$A_1A_2 \times A_1A_2$	h^2	$1/4\ h^2$	$1/2\ h^2$	$1/4\ h^2$
$A_1A_2 \times A_2A_2$	2hr	-	-	hr
$A_2A_2 \times A_2A_2$	r^2	-	-	r^2

جدول (١-٥) تكرار التزاوج والتكرار الوراثي للنسل في مجموع يمارس فيه التزاوج العشوائي

النسل الناتج عنها النموذج الوراثي الخاص بالآباء أما تكرار التزاوج بين النماذج الوراثية A_1A_1 و A_1A_2 فيبلغ 2hd ، لأن تكرار التزاوج بين A_1A_1♂ و A_1A_2♀ وفي التركيبة المعاكسة للجنسين A_1A_1♀ و A_1A_2♂ يكون dh لكل منهما . إن أفراد نسل هذا التزاوج تتوزع مناصفة بين النموذج الوراثي المتماثل اللواقح A_1A_1 والنموذج الوراثي الخليط A_1A_2 . وفي نموذج التزاوج $A_1A_2 \times A_1A_2$ البالغ تكراره h^2 يتوزع أفراد النسل بين النماذج الوراثية A_2A_2 و A_1A_2 و A_1A_1 بالنسبة ١ : ٢ : ١ وبشكل مشابه يمكن استنتاج تكرارات التزاوج المتبقية وتكرار النماذج الوراثية في النسل . وتشير نتيجة جمع تكرارات النماذج الوراثية إلى تطابق بين نسبة النماذج الوراثية في النسل مع نسبة تركيب الأمشاج .

Scanned with ACE Scanner

١-٢ – ٢ حساب تكرار المورثة في حالة السيادة التامة :

إن الأشكال المذكورة سابقاً لحساب تكرارات المورثة قابلة للتطبيق في حال إمكانية التمييز بين النماذج الوراثية الخليطة والنماذج الوراثية المتماثلة . أما في حال السيادة التامة ، فلا تصلح هذه الأشكال ، وذلك للتطابق المظهري بين النموذج الوراثي الأصيل السائد والنموذج الوراثي الخليط ، ففي هذه الحالة يمكن حساب تكرار المورثة فقط إذا نفذت شروط هاردي – واينبرغ ، لأنه في هذه الحالة فقط يصح أن $r = q2$. ومنه ينتج أن $q = \sqrt{r}$ ، ومن العلاقة $p = 1 - q$.

$p + q = 1$ نحصل على قيمة p التي تساوي

مثال في عشيرة أبقار تتألف من (٢٠٠٠) حيوان تتوزع بين (١٩٨٠) حيوان أسود ملون و (٢٠) حيوان أحمر ملون فما هو تكرار المورثة A1 المسؤولة عن اللون الأسود الملون ، والمورثة A2 المسؤولة عن اللون الأحمر الملون ؟

المرء يشترط هنا أن تتواجد العشيرة بحالة توازن وراثي . وبعد استعمال الرموز المعروفة نحصل على ما يلي :

$$R = 20 \qquad D + H = 1980$$

$$r = \frac{R}{N} = \frac{20}{2000} = 0.01$$

$$\sqrt{r} = q = 0.1$$

$$p = 1 - q = 0.9$$

Scanned with ACE Scanner

وبناء على العلاقة الثابتة بين التكرارات الوراثية والتكرار الوراثي في حالة التوازن الوراثي :

$$(p+q)2 = p2 + 2pq + q2 \qquad (١٠-١)$$

يمكن الكشف عن نسبة النماذج الوراثية المتماثلة السائدة البالغة (٠,٨١) وعن نسبة النماذج الوراثية الخليطة البالغة هنا (٠,١٨) .

١-٣ العوامل المؤثرة في التوازن الوراثي :

في فقرة قانون هاردي – واينبرغ ذكر أن التكرار الوراثي وتكرار المورثات يبقيان ثابتين مع تعاقب الأجيال في عشيرة يكون فيها تزاوج الحيوانات عشوائياً وبغياب العوامل المؤثرة سلباً في التوازن الوراثي .

وفي دراستنا التالية سنتعرف بشكل مفصل على تأثير هذه العوامل إفرادياً في التوازن الوراثي ، أي بمعزل عن العوامل الأخرى . وتعدّ هذه الحالة غير حقيقية ، لأنها لا تعكس الحقيقة بشكل كامل . ولأن هدف التربية يقوم على تحسين العشائر وراثياً ، أثرنا في هذه الدراسة بعض النقاط حول إمكانية وكيفية تأثير هذه العوامل في إحداث تغييرات في الصفات الوراثية للعشائر ، ليتسنى استخدامها في التحسين الوراثي وتحقيق الأهداف المحددة.

١-٣-١ التزاوج المنظم Assorted matings

هو الشكل المخالف للتلقيح العشوائي ، ويحدث عندما يتناسل أفراد نموذج وراثي محدد بشكل أكثر أو أقل مما يتوقع في الحالة العشوائية . وهنا نتحدث

Scanned with ACE Scanner

عن تزاوج منظم إيجابي أو سلبي ، ويؤدي التلقيح المنظم إلى تغيير x في التكرار الوراثي ، بينما لايتغير تكرار المورثات . ويعدّ الإخصاب الذاتي الشكل المتطرف للتلقيح المنظم الإيجابي ، وهو لا يصادف في تربية الحيوان ولكنه يظهر لنا تغير توزيع النماذج الوراثية من جيل لآخر كما هو موضح في الجدول (١-٥) .

Generation	Genotype		
	AA	Aa	aa
0	P^2d	2 pqh	q^2r
1	d + 1/4 h	1/2 h	r + 1/4 h
2	d + 3/8 h	1/4 h	r + 3/8 h
3	d + 7/16 h	1/8 h	r + 7/16 h
n	d + [(2n-1) / (2n+1)] h	[2/ (2n+1)] h	r + [(2n-1) /(2n+1)] h
∞	d + 1/2 h $p^2 + pq$ p	0	r + 1/2h $q^2 + pq$ q

الجدول (١-٥) تكرارات النماذج الوراثية في الأجيال المختلفة

نلاحظ من الجدول إن النموذج الوراثي الخليط ينقص في كل جيل بمقدار النصف ، والنصف الآخر يتوزع مناصفة بين النماذج الوراثية المتماثلة اللواقح.وهكذا وبعد أجيال عدة يختفي النموذج الوراثي الخليط تماماً ، وعندها يبلغ الجزء النسبي للأفراد المتماثلة اللواقح السائدة أو المتنحية قيم P أو q.

في طرائق التربية التي تقوم على الانتخاب الموجه يسيطر التزاوج المنظم الإيجابي ، بينما يتم التزاوج المنظم السلبي في طرائق التربية التي تقوم

Scanned with ACE Scanner

على ظاهرة قوة الهجين ، فالأمر يتعلق هنا بالمحافظة على الجزء الخليط الأقصى درجة ممكنة ، ويمكن بلوغه إذا تم التزاوج بين أفراد متماثلة اللواقح لنماذج وراثية مختلفة .

١-٣-٢ الهجرة Migration :

يقصد بالهجرة إدخال حيوانات إلى العشيرة (أي هجرة داخلية) Immegration وإخراج حيوانات من العشيرة (أي هجرة خارجية) Emigration . وهذه الأخيرة تندرج تحت اسم الانتخاب الذي سنعالجه موضوعه لاحقاً . أما بالنسبة للهجرة الداخلية فهي تؤدي إلى تغيير في البناء الوراثي للعشيرة ، إذا انحدرت الأفراد المدخلة من عشيرة تمتلك صفات وراثية مختلفة . إن مقدار هذا التغيير يتعلق بالاختلافات الوراثية بين العشائر ، وبالعدد النسبي للأفراد المدخلة . ونبين فيما يلي طريقة لقياس أثر عامل الهجرة الداخلية في التوازن الوراثي . نرمز لحجم العشيرة الأساس بـ N' ولعدد الأفراد المهاجرة داخلياً بـ M أما N فهي المجموع الكلي لجديد لأفراد العشيرة أي :

$$N = N' + M \qquad (١١-١)$$

P_0 و q_0 تعبران عن تكرار المورثات في العشيرة الأساسية p_m و q_m تشيران إلى تكرار المورثات في الحيوانات الداخلة . أما p_1 فهو تكرار المورثة الجديد في العشيرة وهو يحسب على الشكل التالي :

$$p_1 = (1-m)\,p_0 + m\,p_m \qquad (١٢-١)$$
$$= m(p_m - p_0) + p_0$$

Scanned with ACE Scanner

إن m تدل على الجزء النسبي للأفراد المدخلة وتساوي إلى $m = M/N$

هذا يعني أن الجزء النسبي لأفراد العشيرة الأساسية يساوي إلى $n = 1 - m$

إن مقدار التغيير في تكرار المورثة Δp يحسب كالتالي :

$$\Delta p = p_1 - p_0$$
$$= m (p_m - p_0) \qquad (١٣-١)$$

لقد أثرت الهجرة تأثيراً مهماً في التحسين الوراثي للعشائر . فطرائق التربية مثل خلط التحسين وخلط الإزاحة وخلط التركيب تقوم على الهجرة . عن طريق إدخال مورثات بمقدار محدد من سلالات متفرقة إلى سلالات أخرى بهدف تحسينها وراثياً . وقد زادت أهمية الهجرة اليوم مع تطور وسائل النقل والتقانات الحيوية المستخدمة لنقل المورثات حتى أصبحت محوراً أساسياً في برامج التربية الحديثة .

١-٣-٣ الانتخاب Selection :

إن اختلاف أعداد أفراد النسل بين حيوانات عشيرة ما ، يشير إلى مشاركة متباينة بين هذه الأفراد في عملية التناسل وإنتاج النسل . إن هذا السلوك يتفق مع ما يسمى بالانتخاب . فالفرد الذي يملك عدداً أكبر من أفراد النسل يساهم بشكل أكبر في البناء الجديد للرصيد الوراثي للعشيرة ؛ وبالتالي في تغيير الصفات الوراثية للعشيرة في الجيل التالي بالمقارنة مع الأفراد القليلة النسل . وتميز في هذا السياق بين الانتخاب الاصطناعي الذي يقوم مربو الحيوان به من خلال تحديد حيوانات التربية وحجم مشاركتها في التحسين الوراثي ، وبين الانتخاب الطبيعي الذي تمارسه الظروف الطبيعية مانحة أو

Scanned with ACE Scanner

مانعة بشكل كبير أو صغير مشاركة الأفراد الحيوانية بإنتاج نسلها . وفي حالات كثيرة يلاحظ وجود الشكلين من الانتخاب وخاصة في الحيوانات الأهلية الخاضعة لأعمال التربية ، فالمربي يختار الحيوانات التي تحقق أهداف التحسين الوراثي المحددة في برنامج ، ثم يؤثر الانتخاب الطبيعي من خلال الاختلافات في الخصوبة والحيوية بين الحيوانات المنتخبة . ففي حالات كثيرة سجل لأفراد ذات قيمة تربوية عالية عدد قليل من أفراد النسل ، في الوقت الذي أحرزت فيه حيوانات ذات قيمة تربوية أدنى تفوقاً في أعداد نسلها .

لتقصي أثر الانتخاب في التوازن الوراثي ، نستخدم مصطلح معامل الانتخاب $(S)_x$ الذي يشير إلى احتمال عدم مشاركة نموذج وراثي محدد في العشيرة في عملية التناسل . وتتراوح قيمته بين الصفر والواحد . فقيمة الصفر لهذا المعامل تعني مشاركة كل أفراد النموذج الوراثي المعني في التكاثر داخل العشيرة ، بينما تشير قيمة الواحد إلى استبعاد كل أفراد هذا النموذج الوراثي من إنتاج النسل . أما المقدار $w = s - 1$ فهو يعبر عن الصلاحية fitness ، إذ يدل على احتمال تناسل الفرد من نموذج وراثي ما . من الشرح السابق يستنتج أن الانتخاب لا يؤثر في المورثات بشكل مباشر ، وإنما من خلال النماذج المظهرية phenotype التي تحدد النماذج الوراثية genotype . ومن الجدير ذكره هنا أن نتيجة الانتخاب تتعلق بشكل كبير بأسلوب تأثير المورثات.

١ – ٣ –٣–١ الانتخاب ضد الأفراد المتنحية المتماثلة اللواقح :

لنفترض أن المورثة A_1 تسود على المورثةA_2 و أن النموذج الوراثي A_2A_2 غير مرغوب فيه كثيراً لبعض العيوب الانتخابية في أفراده . لذلك يمارس الانتخاب(s) ضد أفراده ولا يسمح إلا لجزء يبلغ (1-s) R من أفراد هذا

Scanned with ACE Scanner

النموذج بالتناسل . وبناء على ذلك فإن أعداد المورثات A2 سيلخفض إلى المقدار 2R (1 – s) + H ، وبالتالي سيهبط العدد الإجمالي للمورثة A بمقدار 2RS . بشكل يناسب تعريف تكرار المورثة نستنتج قيمة تكرار A_2 بعد الانتخاب حسب الطريقة التالية :

$$q_1 = \frac{2R(1-S)+H}{2N-2RS} \qquad (١٤-١)$$

نقسم على 2N

$$q_1 = \frac{r(1-S)+\frac{1}{2}h}{1-rs} \qquad (١٥-١)$$

نستبدل التكرار الوراثي بما يناسبه من تكرار المورثات حسب العلاقة المعروفة سابقاً فيكون:

$$q1 = \frac{q^2(1-S)+pq}{1-sq^2} = \frac{q-sq^2}{1-sq^2} \qquad (١٦-١)$$

و بالأسلوب نفسه نحصل على التكرار الجديد لـ A1

$$P1 = (2D+H)/(2N-2Rs) = (d+1/2\,h)/(1-rs) \qquad (١٧-١)$$
$$= (p2+pq)/(1-sq2) = p/(1-sq2)$$

فعلى رغم تغير عدد المورثات A_1 ، لم يبق تكرارها ثابتاً ، وذلك لانخفاض العدد الكلي للمورثة A .

لو استبعدت كل النماذج الوراثية A_2A_2 من متابعة التربية ، أي أن S = 1 ، يصبح تكرار A_2 عندئذ .

Scanned with ACE Scanner

إن حساب تكرار المورثات في حالة القرائن العديدة ذات تأثير سـيادي ، كما هو الحال في زمر الدم عند الإنسان معقداً . لذلك يشـترط أولاً أن تكـون العشيرة في حالة توازن وراثي إذ يكون :

$$P3 = \sqrt{0}$$

لو دمجنا تكرارات الدم A و O مع بعضها البعض لحصلنا على النتيجة التالية :

$$P^2_1 + 2\,p_1p_3 + p^2_3 = (p_1 + p_3)^2 = (1 - p_2)^2$$

ومن هذا ينتج :

$$(1 - p_2)^2 = a + 0$$

$$p2 = 1 - \sqrt{a+0}$$

بالأسلوب نفسه ندمج بين تكرار B و O

$$P^2_2 + 2p_2p_3 + p^2_3 = (p_2 + p_3)^2 = (1 - p_1)^2$$

$$(1 - p_1)^2 = b + o \quad \Longrightarrow \quad p1 = 1 - \sqrt{b+0}$$

١-٤ -٢ حالة المورثات المرتبطة بالصبغيات الجنسية :

إن المورثات المرتبطة بالصبغيات الجنسية تؤثر فـي توزيـع النمـاذج الوراثية في العشيرة . فانطلاقاً من الحقيقة القائلة أنه عند الثدييات يملك الـذكر صبغياً جنسياً واحداً (X) في حين تملك الإناث صبغيين جنسيين X X ، لذلك فإن توزيع النماذج الوراثية سيكون مختلفاً بين الجنسين .

لنفترض أن عشيرة ما توجد في حالة توازن وراثي يظهر فيها الألـيلان A_1 و A_2 بالتكرارين P و q عندئذ نحصل علـى التوزيـع التـالي للنمـاذج الوراثية :

Scanned with ACE Scanner

$p^2_{A1A1} + 2pq_{A1A2} + q^2_{A2A2}$ في الإناث (١-٢٦)

وفي الذكور $p_{A1} + q_{A2}$

هذا التوزيع يشرح الحقيقة وهي أن بعض الأمراض التي تسببها عوامل وراثية متنحية مرتبطة بالصبغيات الجنسية تظهر غالباً في الذكور ، فمثلاً إذا كان تكرار المورثة المسؤولة عن عمى الألوان هو $q = 0.01$ فإن نسبة المرض لدى الرجال تبلغ ١ % بينما يمرض من النساء ٠,٠١ % .

إن خصوصية نقل الصبغيات الجنسية من الأهل إلى النسل تؤدي إلى سعي العشائر إلى تحقيق شكل خاص من التوازن . فمن المعروف أنه في الثدييات يحصل الجنس المختلف اللواقح على الصبغي x فقط من الأم في حين يحصل الجنس المتماثل اللواقح xx على صبغياته من كلا الأبوين . لو كان تكرار المورثات في جيل الأهل مختلفاً بين الجنسين سيكون عندئذ تكرار المورثات المرتبطة بالصبغيات الجنسية عند البنات مساوياً إلى متوسط التكرار في الجنسين في حين يساوي تكرار المورثة عند الأبناء لتكرار المورثة في الجنس المؤنث في جيل الأهل .

لو رمزنا بـ pmi لتكرار المورثة A1 في الجنس المذكر في الجيل i وبـ pwi لتكرار المورثة A1 في الجنس المؤنث في الجيل i لكان تغير تكرار المورثات من الجيل الأساس وحتى الجيل الأول كالتالي :

$$pwi = \frac{p_{mo} + p_{wo}}{2} \qquad (١-٢٧)$$

$$P_{mi} = P_{wo}$$

أما الفارق في تكرارات المورثات في جيل الأهل فيبلغ :

$$do = p_{mo} - p_{wo}$$

وبناء عليه يكون في الجيل الأول :

Scanned with ACE Scanner

$$di = p_{mi} - p_{wi} = p_{wo} - \frac{p_{wo} + p_{mo}}{2}$$

$$= 1/2 \left(p_{wo} - p_{mo} \right) = - 1/2 \, do$$

وبشكل عام :

$$di = - 1/2 \, di - 1 = (- 1/2)^{i} \, do \qquad (٢٨-١)$$

و الجدول التالي يبين تغير تكرار المورثات المرتبطة بالصبغيات الجنسية

p_w	p_m	الجيل
0.8	0.4	1
0.6	0.8	2
0.7	0.6	3
0.65	0.7	4
0.675	0.65	.
$\frac{2}{3}$	$\frac{2}{3}$	.
		.
		∞

الجدول (١ – ٩) تكرار المورثات المرتبطة بالصبغيات الجنسية

Scanned with ACE Scanner

الفصـــل الثـــانـــي

القيم المتوسطة والآثار الوراثية للصفات الكمية

٢-١ نموذج تشكيل الصفة .

٢-٢ مكونات قيم الصفات المظهرية .

٢-٣ متوسط العشيرة والآثار الوراثية لموقع وراثي واحد .

٢-٣ - ١ متوسط العشيرة .

٢-٣-٢ آثار وتأثير المورثات .

٢-٤ علاقات آثار المورثات بمكونات قيمة النموذج الوراثي

Scanned with ACE Scanner

الفصل الأول بيّن علاقة الصفات الوراثية لإحدى العشائر في التكرار الوراثي وتكرار المورثات . ويكون شرح مثل هذه العلاقة سهلاً في الصفات النوعية لأسباب تعود إلى قلة عدد المورثات المسؤولة عنها ولندرة تأثرها بالعوامل البيئية . أما في الصفات الكمية المهمة اقتصادياً " فتصبح المسألة أكثر تعقيداً " لتأثر هذه الصفات بأعداد كبيرة من المورثات التي تمارس كلّ منها تأثيراً " صغيراً نسبياً " في تشكيل الصفة . أضف إلى ذلك تأثر هذه الصفات بشكل كبير بالعوامل البيئية ، مما يجعل التباين فيها مستمراً .هذا الشكل من تكوين الصفات يسمى بـ التوريث المتعدد polygen .

٢- ١ نموذج تشكيل الصفات :

إن ظروف التوريث المعقدة للصفات الكمية أدت ولفترة زمنية طويلة إلى جدال حول صلاحية قوانين ماندل المكتشفة لتوريث هذه الصفات استمر حتى لاكتشاف آثار المورثات التجمعية ، الذي ساهم في فهم عميق لوراثة هذه الصفات ، إن المعارف الحالية تفيد أن تشكيل الصفات يتم وفق الشكل التالي :

$$P = G + U$$

إذ تدل P على القيمة المظهرية ، Gعلى القيمة الوراثية ، U على التأثيرات البيئية .

هذا النموذج الوراثي الإحصائي يبدو بسيطاً وهو مثل كل النماذج تقريب مبسط للحقيقة ويقوم على شروط محددة . وأهم هذه الشروط عدم ظهور تأثير متبادل بين P, G ، وعدم وجود علاقة ارتباط بينهما . ويفهم تحت مصطلح التأثير المتبادل بالمعنى الاحصائي (وليس بالمعنى الفلسفي) . الأثر الذي يشترك

Scanned with ACE Scanner

عاملان على الأقل في إنتاجه فلا يمكن نسبُه إلى أحدهما على حدة ، ويعدّ عملياً " الانحراف عن النموذج الأساسي التراكمي " .وإن لهذا الأثر دوراً مهماً في موضوع التداخل بين النموذج الوراثي والبيئة . إن تحقيق شرط عدم وجود ارتباط بين U,G غير ممكن تحت بعض الظروف ، فعند كل الأنواع الحيوانية التي ينفذ لديها ما يسمى بالتعليف حسب الإنتاج ، تحصل النماذج الوراثية ذات الإنتاجية العالية على إمداد أفضل بالمواد الغذائية وبالتالي على ظروف بيئية أنسب .

إن مبدأ التعليف حسب الإنتاج يسبب نشوء ارتباط إيجابي بين U,G . وعلى رغم ذلك يمكن الإثبات أنه في هذه الحالات ، وباستخدام علوم وراثة العشائر التي تقوم على النموذج المذكور سابقاً يمكن تحقيق نتائج مهمة . وقد اقترح (falconer ١٩٦٠) أنه يمكن اعتبار بعض الظروف البيئية الخاصة جزءاً من النموذج الوراثي وقيم الانحرافات البيئية .

٢-٢ مكونات قيم الصفات المظهرية :

إن النموذج الأساسي لتشكيل الصفات المذكور في الفقرة السابقة يمكن كتابته بالشكل التالي أيضاً :

$$P = g + \mu + u \qquad (٢-٢)$$

إذ تمثل μ متوسط العشيرة وg تمثل الأثر الوراثي ، أي أن النموذج الوراثي G كقيمة هو مجموع متوسط العشيرة μ والأثر الوراثي g . وتجدر الإشارة إلى أننا سنطلق مصطلح الأثر أو الانحراف على كل القيم التي تعرف

Scanned with ACE Scanner

بأنها انحراف عن متوسط المجموع ويكون مجموعها في العشيرة مساوياً للصفر دائماً .

ويمكن تجزئة الأثر الوراثي حسب نوع تأثير المورثات كالتالي :

$$g = ga + do + cp \qquad (٢-٣)$$

إذ تدل ga على الأثار الوراثية التجمعية و do على الانحراف السيادي وcp على الانحراف التفوقي . ومن المهم الإشارة إلى أن مورثة ذات سيادة تؤثر إلى جانب تأثيرها السيادي أيضاً تأثيراً تراكمياً من خلال متوسط أثرها .

إن التأثير البيئي u الذي يوصف أيضاً بالانحراف البيئي يشمل كل العوامل غير الوراثية ، لإظهار الصفات ومنها التغذية والرعاية والعناية بالحيوانات ، وكذلك العوامل المناخية. إن تأثير العوامل البيئية يمكن أن يظهر كقيم إيجابية أو سلبية لدى أفراد العشيرة ، مما يؤدي إلى تفوق الحيوان أو انخفاض القيمة المظهرية للحيوان عن متوسط قيمته الوراثية . إن قياس كل من القيمة الوراثية والانحراف البيئي غير ممكن على الحيوان نفسه لذلك تبقى كلتا المكونتين لمعادلة النموذج في الحقيقة مجهولتين . وهذا يسبب صعوبات للمربي ، لأنه لا يستطيع تحسين القاعدة الوراثية لعشيرته دون معرفة مباشرة للقيم الوراثية . ولكن بمساعدة أساليب وراثة العشائر يمكن تحليل وتنسيق العلاقات بين القيم الوراثية والمظهرية ، والتي أصبحت اليوم وسيلة مساعدة لا يمكن الاستغناء عنها في برامج التربية الحديثة .

إن مجموع الانحرافات البيئية إحدى الصفات يبلغ في عشيرة ما الصفر ، لأن الانحرافات السلبية والإيجابية تزيل بعضها البعض عند تشكيل القيمة

Scanned with ACE Scanner

المتوسطة . ومن هذا نستنتج أن القيم الوراثية والمظهرية لإحدى العشائر تملك القيمة المتوسطة نفسها μ .

إن التأثيرات البيئية تجزأ وتصنف حسب طبيعة تأثيرها ، فهناك التأثير المنتظم والتأثير البيئي العشوائي . فالتأثير البيئي المنتظم يؤثر دائماً في تشكيل صفة مجموعة من الحيوانات بالاتجاه نفسه مما يجعلها متميزة عن مجموعات الحيوانات الأخرى ، فيمكن على سبيل المثال لأسلوب إيواء محدد أن يؤثر في إنتاج الحيوانات الخاضعة له سلباً أو إيجاباً مقارنة بالأساليب الأخرى . ومن العوامل البيئية المنتظمة نذكر تأثير المحطة والسنة وتأثير نظام التغذية والأثر الأمومي في الحيوانات المتعددة المواليد . كما يمكن لهذه التأثيرات أن تجتمع سوية كما هو الحال في تأثيرات المحطة التي تضم أسلوب الإيواء ونظام التغذية وعمال الرعاية . أما بالنسبة لتأثير السنة فيضم عادة تأثير المناخ وظروف توافر الأعلاف . إن للتأثير البيئي المنتظم تأثيراً سلبياً عند مقارنة إنتاج حيوانات تخضع إلى عوالم بيئية متباينة ، لذلك يسعى المربون إلى توحيد ظروف الرعاية والتغذية في محطات الاختبار ومراكز التربية لاستبعاد أو تحجيم التأثير البيئي المنتظم قدر الإمكان . ويمكن أيضاً ومن خلال الأساليب الإحصائية تسجيل تأثيراتها والعمل على تعديل النتائج بشكل يحد من آثارها .

إن الحيوانات داخل كل شكل إيواء تخضع أيضاً إلى تأثيرات بيئية عشوائية ، وتشمل كل ما تبقى من العوامل البيئية ، وهي تختلف من حيوان لآخر.

في هذا السياق نميز أيضاً بين التأثيرات البيئية المستديمة التي تبقى ثابتة بتأثيراتها ، والتأثيرات البيئية المؤقتة المتباينة التأثير . فمجموعة التأثيرات

Scanned with ACE Scanner

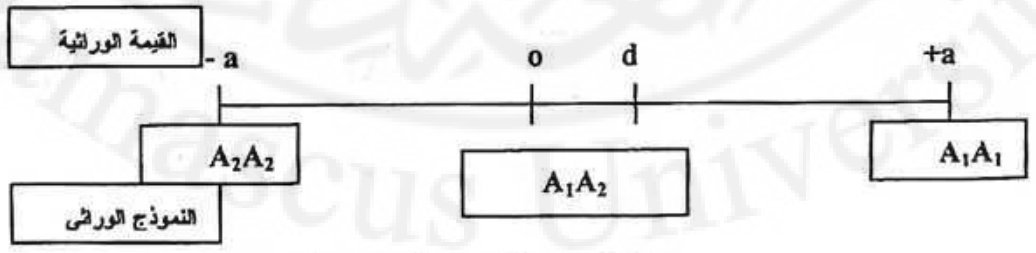
البيئية خلال مرحلة تنشئة حيوان تصنف تحت العوامل المستديمة ، لأنها تؤثر سلباً أو إيجاباً بشكل دائم في الشروط الحيوية للإنتاج المستقبلي . هذا العامل يلازم الحيوان خلال حياته ، ويحدد مع نموذجه الوراثي فرديته .

أما بالنسبة للعوامل البيئية المؤقتة فنذكر مثال اختلاف التغذية خلال وبين فترات الإنتاج .

إن الفصل بين المؤثرات البيئية المستديمة والمؤقتة ممكن فقط في الحيوانات ذات الإنتاج المتكرر ، كما هو الحال في الأبقار ذات المواسم الإنتاجية المتكررة . إن العوامل البيئية المستديمة والمؤقتة تعدل من إنتاج الحيوانات المحددة وراثياً وعلى الرغم من اهتمام المربين بالمحافظة على شروط التغذية موحدة لكل الحيوانات ، فلا يمكن الاستبعاد الكلي لمسببات التباين هذه .

٢- ٣ متوسط العشيرة والآثار الوراثية لموقع وراثي واحد:

في هذه الدراسة سنعالج تأثير المورثات في صفة كمية ، انطلاقاً من موقع وراثي واحد مشغول بالقرينين A_2 , A_1 . وعادة ما ننطلق في تحليلنا لتحديد نقطة الصفر من متوسط النموذجين المتماثلي اللواقح وليس من القيم المطلقة للنماذج الوراثية المتوقع تشكيلها (A_1A_1 , A_1A_2, A_2A_2) إن القيم الوراثية للنماذج الثلاثة يمكن استنتاجها من المخطط (٢-١)



مخطط (٢-١) قيم النماذج الوراثية

Scanned with ACE Scanner

بناء على المخطط السابق يمكن وصف التأثير السيادي لـ A_1 من خلال قيمة d ففي حال d تساوي الصفر يشير هذا إلى عدم وجود سيادة والأمر هنا يتعلق بالتوريث التوسطي Intermediate إن القيم الإيجابية لـ d تعني سيادة A_1 على A_2 ، بينما القيم السلبية تعني سيادة A_2 على A_1 حسب المخطط (٢-١) أما إذا كانت $a = d$ أو $d = -a$ فالأمر يتعلق بسيادة تامة لأحد القرينين ، وإذا تجاوزت d القيمة ($a < d$) أو ($d < -a$) فنتحدث هنا عما يسمى بـ فوق السيادة لـ A_1 أو لـ A_2 . وفي حالة السيادة الجزئية لـ A_1 فإن d تكون واقعة بين a والصفر أي $O < a < d$ في حال السيادة الجزئية لـ A_2 تصبح الحالة $-a < d < O$.

التوريث التوسطي	$d / a = 0$
السيادة الجزئية	$0 < d / a < 1$
السيادة التامة	$d / a = 1$
فوق السيادة	$1 < d / a$

الجدول (٢-١) درجات السيادة انطلاقاً من النسبة d /a

٢ - ٣ - ١ متوسط العشيرة μ :

يعبر عن متوسط العشيرة μ بالشكل الرياضي التالي :

$$\mu = \sum_{i=1}^{n} fixi \qquad (٢-٤)$$

إذ تشير fi إلى قيمة الصفة i ، وتشير fi إلى التكرار النسبي لقيمة الصفة i . لنفترض وجود عشيرة ما يكون فيها التلقيح عشوائياً ويظهر فيها القرينات

Scanned with ACE Scanner

A_1 ,A_2 بـــالتكرارات p و q ($p = A_1$, $q = A_2$) . إن توزيـــع النمـــاذج الوراثية للأفراد سيكون بالشكل المبين في الجدول (٢ – ٢)

إن التكرار النسبي لقيم الصفات يتفق مع التكرار الوراثي وقيم النمـــاذج الوراثية المناسبة لهذا التكرار حسب الجدول (٢ – ٢) .

النماذج الوراثية	التكرار الوراثي	قيمة النموذج الوراثي	ناتج (fixi)
A_1A_1	P^2	a	P^2a
A_1A_2	2pq	d	2pqd
A_2A_2	Q^2	-a	$-q^2a$

الجدول (٢ – ٢) القيم الأساسية لاستنتاج متوسط العشيرة

فحسب الشكل (٢ – ٤) نستنتج متوسط العشيرة التالي :

$$\mu = P^2a + 2pqd - q^2a$$

$$= (p-q)(p+q)a + 2pqd$$

$$= (p-q)a + 2pqd \qquad (٢-٥)$$

ومن هذا الشكل نلاحظ مساهمة كل من الأفراد المتماثلة اللواقح (الجزء الأول) والأفراد المختلفة اللواقح (الجزء الثاني) في متوسط العشيرة .

كذلك نستنتج تعلق متوسط العشيرة بتكرار المورثات ، فإذا كانت $p = 1$ يبلغ متوسط العشيرة عندئذ أعلى قيمة له $\mu = a$ وهنا تتـــألف العشـــيرة مـــن الأفراد ذات النموذج الوراثي A_1A_1 فقط ذات القيمة a ، أما أدنى قيمة يصل إليها متوسط العشيرة $\mu = -a$ عندما تكون $q = 1$ وعندها تتألف العشـــيرة

Scanned with ACE Scanner

فقط من الأفراد ذات النموذج الوراثي A_2A_2 . ويمكن لمتوسط العشيرة أن يتجاوز هذه القيم وذلك في حالة السيادة ($a < d$) وهنا يجب أن تكون قيمة ($p = d + a / 2d$) . إن زيادة نسبة الأفراد المختلفة اللواقح بشكل يتجاوز القيمة المتوقعة ($2pq$) وذلك من خلال اتباع طريقة تربية معينة يمكن في حالة فوق السيادة من متابعة زيادة متوسط العشيرة . ولهذه الحقيقة أهمية بالغة في مسألة التحسين بواسطة قوة الهجين .

وفي حال عدم وجود تأثير سيادي ($d = 0$) تنتج μ على الشكل التالي :

$$\mu = (p - q)\, a \qquad (٦-٢)$$

$$= (1 - 2q)\, a$$

أما في حالة السيادة التامة ($d = a$) فتتأثر قيمة μ بمربع q

$$\mu = (p - q)\, a + 2pqd$$

$$= (1 - 2q^2)\, a \qquad (٧-٢)$$

وفي حالة الصفات متعددة التوريث التي تتأثر من عدة مواقع وراثية بنفس الوقت ، تنتج قيمة متوسط العشيرة من مجموع قيم الموقع الوراثية المؤثرة في القيمة المتوسطة أي :

$$\mu = \Sigma (p - q)\, a + \Sigma\, 2pqd \qquad (٨-٢)$$

٢ ـ ٣ ـ ٢ آثار وتأثير المورثات :

إن علم الوراثة يدرس انتقال الصفات الوراثية من الآباء إلى الأبناء ، ومن المعروف في العلوم الوراثية الكلاسيكية ، أن هذا الانتقال يتم من جيل

Scanned with ACE Scanner

لآخر عبر المورثات إلا أن هذه المورثات تجتمع في كل مـرة مـع بعضـها البعض من جديد وذلك من خلال إعادة التركيب Recombination وينشأ عن ذلك نماذج وراثية جديدة . لذلك يكون من الضروري إيجـاد مقيـاس لتـأثير المورثات حدد (fisher 1918) لذلك ما يسمى متوسط أثر المورثة و الذي يرتبط بعلاقة مع قيم النموذج الوراثي كما سنرى ذلك لاحقاً . وفيما يلي شرح لاستنتاج هذا الأثر .

لو أدخلنا إلى عشيرة ما مورثة إضافية (A_1) فإن احتمال التقائها مـع المورثة A_1 هو p لتشكيل النموذج الـوراثي A_1 A_1 ذي القيمـة a ، بينمـا احتمال التقائها مع المورثة A2 يبلغ q لتشكيل النموذج الـوراثي A_1 A_2 ذي القيمة d ، إن القيمة المتوقعة للنماذج الوراثية المتشـكلة مـن هـذا الإدخـال هي pa + qd ، ويوصف انحراف هذه القيمة عن متوسط العشيرة بـ متوسط أثر المورثة A1 ($\alpha 1$) وتبلغ قيمته :

$$\alpha_1 = pa + qd - ((p - q)a + 2pq) \qquad (٩-٢)$$

$$= q(a + d(q - p))$$

وبنفس الطريقة نحصل على متوسط اثر المورثـة A_2 (α_2) الـذي يلتقي باحتمال p أو q مع A_1 أو A_2 ليشكل النموذجين A_1 A_2 ذوات القيمـة d أو A_2 A_2 ذي القيمة a– ومنه تنتج قيمة $\alpha 2$:

$$\alpha_2 = pd - qa - ((p - q)a + 2pqd)$$

$$= -p(a + d(q - p)) \qquad (١٠-٢)$$

Scanned with ACE Scanner

نستنتج من هذه الأشكال إن متوسط أثر مورثة ما لا يتعلق فقط بـ a, d ، وإنما أيضاً بتكرار المورثة وبالتالي ببناء العشيرة وهكذا فإن قيمة α_1 تزداد مع ارتفاع q والقيمة المطلقة لـ α_2 ترتفع مع ازدياد p .

من المهم أيضاً معرفة التأثير الناتج عن استبدال مورثة ذات قيمة مرتفعة فالأمر يتعلق هنا أيضاً حسب R.Fisher بمتوسط أثر استبدال المورثة (α) الذي يمثل الفارق بين متوسط تأثير المورثات

$$\alpha = \alpha_1 - \alpha 2$$

$$= q(a + d(q-p)) + p(a + d(q-p))$$

$$= (p+q)(a + d(q-p))$$

$$= a + d(q-p) \qquad (٢-١١)$$

— لو افترضنا إن المورثة A_1 تسود سيادة كاملة على A_2 فالأثر المحقق من استبدال المورثة يحصل فقط في النماذج الوراثية المتماثلة اللواقح المتنحية وذلك عند استبدال A_2 في النموذج A_2A_2 بالمورثة A_1 ليصبح A_1A_2 وبالتالي تنتقل قيمة الموقع من a- إلى a+ فإذا كانت قيمة P مرتفعة فهذا يعني أن أغلب المورثات A_2 متوضعة في النموذج A_1A_2 وقلة قليلة منها تتوضع في النموذج A_2A_2 لذلك يكون في هذه الحالة متوسط الأثر للاستبدال ضئيلاً . وعلى العكس من ذلك يتحقق عندما تكون قيمة p صغيرة فهنا تتركز الأعداد الكبيرة من A_2 في النموذج الوراثي A_2A_2 وبالتالي تكون نتيجة الاستبدال كبيرة .

إذا تعلق الأمر بالتوريث التوسطي ، أي أن d = 0 وبالتالي فإن α = - a فإنه في كل حالة استبدال ترتفع قيمة النموذج الوراثي بمقدار a بغض النظر إذا

Scanned with ACE Scanner

ما تم الاستبدال لـ A_2 بـ A_1 في النماذج المتماثلة أو الخليطة اللواقح فالاستبدال في النموذج A_2A_2 يغير قيمته الوراثية من a– إلى الصفر (في النموذج A_1A_2) والاستبدال في النموذج A_1A_2 يرفع قيمته من الصفر إلى a+ (A_1A_1) ، ويمكن التعبير عن أثر المورثة باستخدام أثر استبدال المورثة كالتالي :

$$\alpha_1 = q\,\alpha \qquad (٢-١٢)$$

$$\alpha_2 = -\,p\,\alpha$$

في الجزء العملي من هذا المقرر نتناول تطبيقات حسابية لهذا الموضوع .

٢ – ٤ علاقات آثار المورثات بمكونات قيمة النموذج الوراثي :

إن نموذج التشكيل المظهري للصفة هو :

$$P = \mu + ga + do + ep + v \qquad (٢-١٣)$$

أي أن القيم الوراثية تكتب على الشكل التالي :

$$G = \mu + ga + do + ep \qquad (٢-١٤)$$

بالنسبة للحالة المفترضة البسيطة التي تتناول موقعاً وراثياً مشغولاً بقرينين فقد حدد لقيم النماذج الوراثية G A2A2 , G A1 A2 , G A1A1 المقدار a+ و d و a– على التتالي . وعند طرح متوسط العشيرة من قمة النموذج الوراثي ، ينتج لدينا الآثار الوراثية (g ij) للموقع الوراثي والتي

Scanned with ACE Scanner

تتمثل بالآثار التجمعية ga والآثار السيادية do فقط وذلك لعدم ظهور تأثيرات متبادلة للمورثات بين المواقع في هذه الحالة . ونعبر عن ذلك رياضياً بالشكل :

$$G_{AIAI} = G_{AIAI} \cdot \mu$$
$$= a - (a (p - q) + 2 pqd)$$
$$= a - ap + aq - 2pqd$$
$$= a (1 - p = q) - 2pqd$$
$$= 2q (a - pd) \qquad (٢-١٥)$$

وللتعبير عن الأثر الوراثي للنموذج باستخدام أثر استبدال المورثة ، نستبدل $a = \alpha - d (q - p)$ ونحصل بالتالي على :

$$G_{AIAI} = 2 q (\alpha - qd) \qquad (٢-١٦)$$

وبالطريقة نفسها نحصل على الآثار الوراثية لبقية النماذج الوراثية وهي معروضة في الجدول (٢-٣) .

إن الأثر الوراثي التراكمي هو عبارة عن مجموعة متوسط تأثيرات المورثات التي تتواجد على الموقع الوراثي نفسه ، ففي النماذج الوراثية المتماثلة اللواقح يبلغ هذا الأثر $2\alpha 2$ أو $2\alpha 1$ ، أما في النموذج الوراثي الخليط فتكون قيمته $\alpha 2 + \alpha 1$.

Scanned with ACE Scanner

النموذج الوراثي	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2
التكرار	p^2	2pq	q^2
قيمة النموذج الوراثي $G_{ij} = \mu + g_{ij}$	+ a	d	-a
الأثار الوراثية g_{ij}	2q (a - pd)	A(q-p)+d(1-2qp)	- 2p(a + qd)
	2q (a - pd)	(q-p)a + 2qp d	- 2p(a + pd)
الأثار التجمعية g_{ij}	2q a	(q-p)a	- 2pa
الأثار السيادية do_{ij}	2 q2d	2pqd	-2 p2d

الجدول (٢ - ٣) قيم النماذج الوراثية والأثار لموقع وراثي واحد

(حسب Falconer 1960)

يمكن كتابة هذا الأثر أيضاً بمساعدة أثر استبدال المورثة كما هو معروض في الجدول (٢ -٤) :

النموذج الوراثي	الأثر الوراثي التجمعي	
A_1A_1	= 2q α	$G_{A1A1} = 2\alpha_1$
A_1A_2	= (q - p)α	$G_{A1A2} = \alpha_1 + \alpha_2$
A_2A_2	= - 2pα	$G_{A2A2} = 2\alpha_2$

الجدول (٢ - ٤) العلاقات بين متوسط الأثار الوراثية والأثر الوراثي التجمعي لموقع واحد

Scanned with ACE Scanner

وبالنسبة للانحرافات السيادية للنماذج الوراثية فإنها تحسب من الفرق بين الآثار الوراثية التجمعية والآثار الوراثية كما يلي :

$$do_{ij} = g_{ij} - ga_{ij} \qquad (٢-١٧)$$

إذا كان $ga_{ij} = g_{ij}$ فهذا يعني ان المورثات المشاركة تؤثر فقط تراكمياً والأمر يتعلق هنا بالتوريث التوسطي من جهة نظر الوراثية الكلاسيكية.

لقد ذكر في بداية هذا الفصل أن مجموع الآثار الوراثية والبيئية في العشيرة يساوي إلى الصفر ، هذه النتيجة تنطبق على الآثار الوراثية التجمعية وعلى الانحرافات السيادية كما سيبرهن على ذلك فيما يلي بالنسبة لموقع وراثي واحد . فلو ضربنا الآثار الوراثية التجمعية بتكراراتها وجمعت لكل النماذج الوراثية لنتج لدينا الآتي :

$$\Sigma f_{ij}\, ga_{ij} = 2p^2q\,\alpha + 2pq(q-p)\,\alpha - \alpha\, 2pq^2\,\alpha$$

$$= 2pq\,\alpha\,(p+q-p-q)$$

$$= 0 \qquad (٢-١٨)$$

كذلك الحال بالنسبة للانحرافات السيادية فإن قيمتها في المتوسط تساوي الصفر

$$\Sigma f_{ij}\, do_{ij} = 2p^2q^2d + 4p^2q^2d - 2p^2q^2d \qquad (٢-١٩)$$

ومما سبق نستنتج أنه إذا كانت قيمة متوسط الآثار البيئية التجمعية ومتوسط الانحرافات السيادية في العشيرة تساوي إلى الصفر ، فإن الآثار الوراثية تزيل بعضها البعض عند متوسط العشيرة .

Scanned with ACE Scanner

يمكن استنتاج متوسط الأثر α_1 و α_2 للمورثين A_1 و A_2 بأسلوب آخر تراعى فيه الأثار الوراثية g ij إذ تعد قيمها التالية $g_{A1A1} = 2\alpha_1$ ، $g_{A1A2} = \alpha_1 + \alpha_2$ ، $g_{A2A2} = 2\alpha_2$ الأفضل لتنفيذ المعادلات في فكرة أصغر المربعات . ولأجل هذا يجب تقليل مجموع مربعات الانحرافات لهذه المعادلات في العشيرة إلى أدنى حد . ونحصل على متوسط الأثار للمورثات من خلال تخفيض التعبير التالي :

$$(g_{A1A1} - 2\alpha_1)^2 + 2pq(g_{A1A2} - \alpha_1 - \alpha_2)^2 + q^2(g_{A2A2} - \alpha_2)^2 \quad (٢٠-٢)$$

ومن خلال تمييز جزئي حسب $\alpha 1$ و $\alpha 2$ يمكن البرهان على أن هذا التعبير يكون في حده الأدنى إذا كان :

$$\alpha_1 = p\, g_{A1A1} + q\, g_{A1A2} \quad (٢١-٢)$$

$$\alpha_2 = p\, g_{A1A2} + q\, g_{A2A2} \quad (٢٢-٢)$$

ومن الجدول (٢-٣) نستخدم القيم التالية :

$$g_{A1A1} = 2q(a - pd)$$

$$g_{A1A2} = a(q - p) + d(1 - 2pq)$$

$$g_{A2A2} = 2p(a + qd)$$

نستنتج α_1 بعد التبديل : $\alpha_1 = 2q(a - pd) + a(q - p) + d(1 - 2pq)$

$$= q(2pa + qa - pa - 2p^2 d + d - 2p^4 d)$$

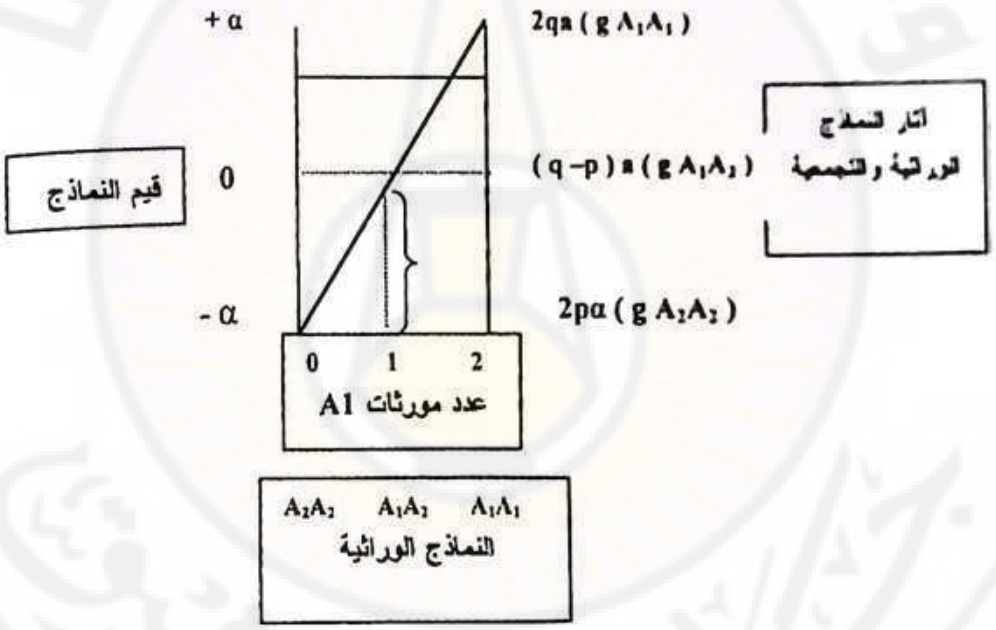
$$= q\,[a + d(-2p^2 + 1 - 2qa)]$$

Scanned with ACE Scanner

$$= q [a + d (q - p)]$$

$$= q \alpha$$

في التوريث التوسطي تؤثر المورثات في إخراج قيم النمـــاذج الوراثيـــة تراكمياً فقط ، وبالتالي يمكن شرح الآثار الوراثية من خـــلال متوســـط تـــأثير المورثات وهنا ينطابق الأثر الوراثي للنموذج مع الأثر التجمعي كما نلاحظ في المخطط (٢ - ١) . ونستنتج من المخطط التالي أن متوســـط أثـــر اســـتبدال المورثة α يتناسب مع المساهمة المطلقة لـــ α .

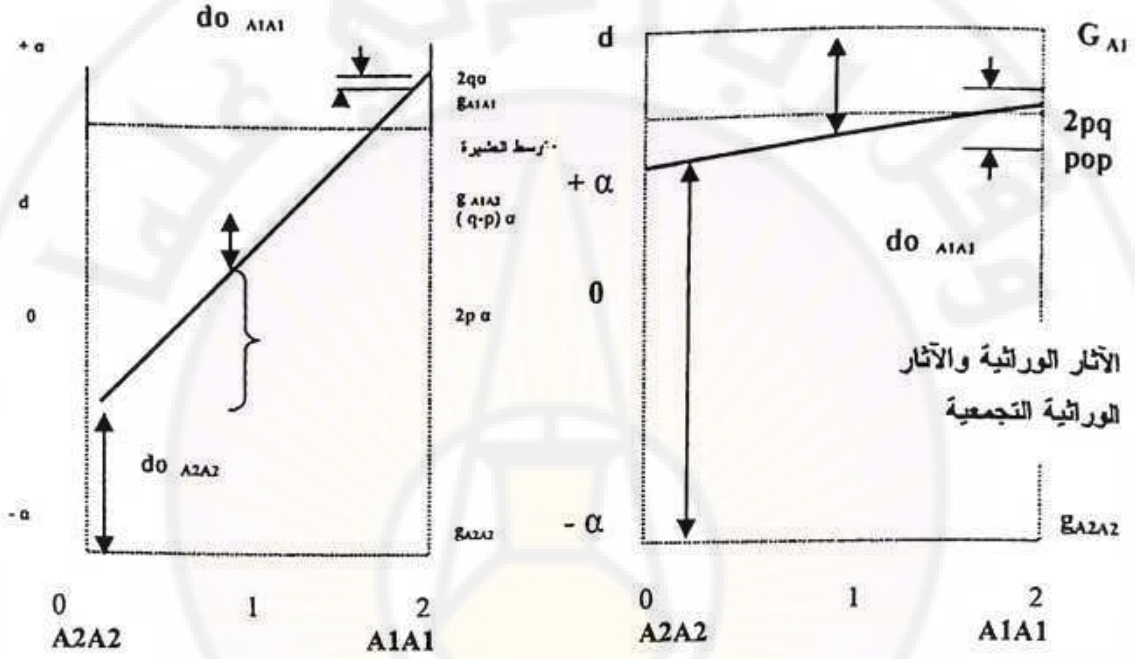


المخطط (٢-١) عرض بياني لقيم النماذج الوراثية والآثار في التوريث المتوسط

إذا ظهر اثر سيادي بين قرائن الموقع الوراثي الواحد يجسم عندئذ خـــط الارتباط بين القيم الوراثية التجمعية خط الانحدار ، الذي يعبر عن انحدار قـــيم

Scanned with ACE Scanner

النماذج الوراثية على عدد المورثات المؤثرة إيجاباً على إخراج الصفة كما يبين ذلك في المخططين (٢) و (٣) .



الشكل ٢

الشكل ٣

مخطط (٢ – ٣) عرض بياني لقيم النماذج الوراثية والآثار في حالة فوق السيادة

($p = 0.8$, $d = 11/2\ \alpha$)

إن أثر استبدال المورثة α هو عبارة عن معامل انحدار قيم النماذج الوراثية على عدد مورثات A_1 كما حدد ذلك Fisher (١٩١٨ – ١٩٤١)

Scanned with ACE Scanner

حسب تعريف معامل الانحدار يتغير التابع بالمتوسط بمقدار معامل الانحدار إذا ارتفع المستقل وحدة واحدة . فمتوسط اثر استبدال المورثة يمثل المقدار الذي ترتفع بموجبه القيمة الوراثية ، إذا ارتفع عدد المورثات A_1 بمقدار واحد. إن ارتفاع عدد المورثات A_1 في النموذج الوراثي يعني استبدال المورثات A_2 ، وبهذا نتوصل مرة أخرى للتعريف المذكور سابقاً .

من المخططين (٢ و ٣) نستنتج أن قيم النماذج الوراثية التجمعية تتوضع خط الانحدار مع معامل الانحدار α .

أما الفوارق بين قيم النماذج الوراثية والقيم الوراثية التجمعية فتمثل الانحرافات السيادية التي مجموع مربعاتها أصبحت في حدها الأدنى من خلال الاستنتاج المذكور سابقاً بهذا الخصوص .

من خلال مقارنة بين المخططات يظهر أن α في حالة السيادة تكون أقل بكثير منه في حالة السيادة الجزئية .وذلك لنفس تكرار المورثة ($p = 0.8$) إن درجة السيادة تؤثر في α إلى جانب تكرارات المورثة بشكل هام جداً . فازدياد درجة السيادة تعمل عند تكرار المورثة $p< 0.5$. على رفع α ، بينما يحدث التأثير العكسي في حال $p >0.5$ وإذا كانت العشيرة في حالة توازن وراثي وكانت $p = q = 0.5$ يكون $\alpha = a$ كما هو الحال في التوريث التوسطي بغض النظر عن تكرارات المورثات . وفي عشيرة تظهر فيها حالة فوق سيادة ستصبح α سلبية مجرد تجاوز تكرار المورثات متوسط العشيرة الأعظمي .

Scanned with ACE Scanner

الفصل الثالث

التباين والتباين المشترك

٣-١ تباين الصفات .

٣- ١ - ١ مكونات التباين المظهري .

٣ - ١ - ٢ مكونات التباين الوراثي لموقع وراثي ما .

٣ -٢ التباين المشترك بين الأفراد الأقارب .

٣- ٢ -١ - تعريف وأهمية التباين المشترك .

٣ - ٢ - ٢ - استنتاج التباين المشترك بين الأهل والنسل.

٣ - ٢ - ٣ - استنتاج التباين المشترك بين الأخوة .

٣ -٣ - الطريقة الشاملة لاستنتاج التباين المشترك لعدد n من المواقع .

٣ - ٣- ١ التوائم المتطابقة .

٣ - ٣ -٢ الأخوة الأشقاء .

٣ - ٣ - ٣ الأخوة أنصاف الأشقاء .

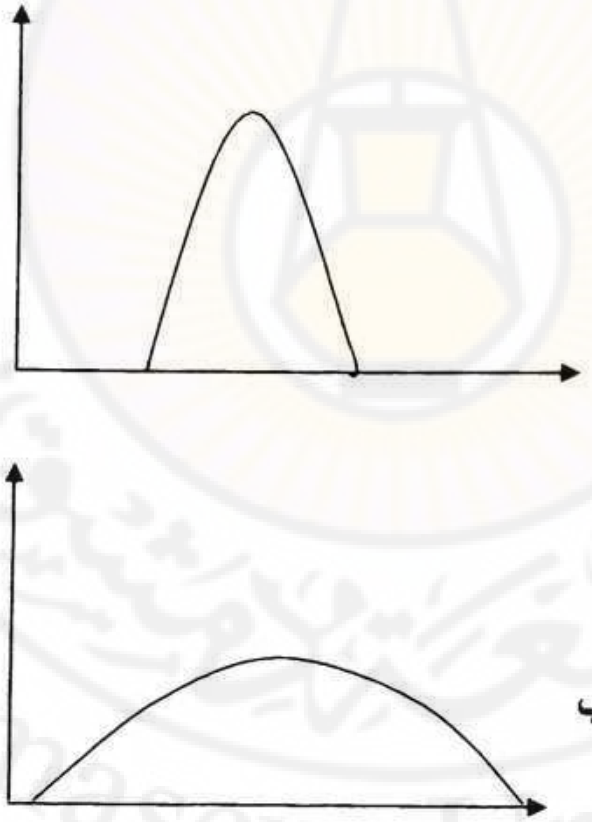
٣ - ٣ - ٤ الأهل والنسل .

Scanned with ACE Scanner

التباين والتباين المشترك

Variance and covariance

٣ -١ **تباين الصفات variance** : التباين المظهري p2 مقياس لتشتت القيم المظهرية في العشيرة حول متوسط العشيرة μ . فالصفات ذات التباين القليل تتوزع قيمها المظهرية بشكل قريب من متوسط العشيرة ويكون المخطط البياني الخاص بها مرتفعا ضيقاً (مخطط ٣-١-أ) في حين تتوزع القيم المظهرية للصفات الكبيرة التباين بشكل بعيد واسع عن متوسط العشيرة . أما المخطط البياني الخاص بها فيكون منخفضاً ومنبسطاً، كما هو الحال في المخطط (٣-١-ب) .



المخطط (٣-١) يوضح توزع القيم المظهرية في حال التباين القليل (أ) والتباين الكبير (ب)

Scanned with ACE Scanner

الجذر التربيعي للتباين المظهري يسمى بالانحراف المعياري المظهري $\sigma^2 p$ standard deviation . وفي هذه الصورة يكون من نفس الوحدات القياسية للقيمة المتوسطة (كغ ، سم ، ....) أم القيمة $100 \times \sigma p / \mu$ فتعد مقياساً للاختلاف عند المقارنة بين عدة صفات لها وحدات مختلفة ، ويطلق عليها مصطلح معامل الاختلاف coefficient of variability أو C.V ، غالباً ما تستخدم الأحرف اليونانية للمقاييس الحقيقية في العشيرة والتي هي في العادة غير معروفة ، وإنما يتم تقديرها في عينة من العشيرة باستخدام الأساليب الإحصائية – الرياضية ومن خلال ميزة حجم العينة يمكن تحديد دقة القيم المقدرة ، فكلما كبر حجم العينة ، عكست القيمة المقدرة المقاييس الحقيقية للعشيرة بشكل أدق . وترمز القيم التقديرية لتمييزها عن القيم الحقيقية للعشيرة بالأحرف اللاتينية .

التسمية	القيمة الحقيقية	القيمة المقدرة
متوسط العشيرة	μ	$\bar{X}$
التباين	σ^2	S^2
الانحراف المعياري	σ	S
معامل الاختلاف	%	S %

Scanned with ACE Scanner

٣ ـ ١ ـ ١ ـ مكونات التباين المظهري :

إن التباين المظهري للصفات الكمية ينشأ من التركيب الوراثي للحيوانات ومن العوامل البيئية ، فحسب نموذج التشكيل المظهري للصفات التالي :

$$P = \mu + g + u$$

يتشكل التباين المظهري من التباين الوراثي $\sigma^2 g$ والتباين البيني $\sigma^2 u$

$$\sigma^2 = \sigma^2 g + \sigma^2 u \qquad (٣-١)$$

التباين الوراثي يتوزع أيضاً حسب تأثيرات المورثات :

$$\sigma^2 g = \sigma^2 ga + \sigma^2 do + \sigma^2 ep \qquad (٣-٢)$$

إذ تشير $\sigma^2 ga$ إلى التباين الوراثي التجمعي

$\sigma^2 do$ إلى التباين السيادي

$\sigma^2 ep$ إلى التباين التفوقي

هذا ويعزى التباين الوراثي التجمعي إلى تباين العوامل الوراثية التجمعية ، أي إلى متوسط آثار المورثات ، أما التباين السيادي والتفوقي فتسببهما الانحرافات المناسبة ، فالأخيرة تنشأ مثلاً عن التداخل بين القرائن ، أو بين المواقع الوراثية ويطلق على التباين السيادي والتفوقي مصطلح التباين الوراثي غير التجمعي $\sigma^2 n ga$. إن هذا التوزيع للتباين الوراثي ذو فائدة كبيرة في التحسين الوراثي لأنه يحدد طرائق التربية الواجب استخدامها في برامج التحسين الوراثي ، وفي الوقت نفسه يمكن تجزئة التباين البيئي إلى مكونتين – الأولى تسببها المؤثرات البيئية الدائمة والثانية تسببها المؤثرات البيئية المؤقتة كما هو موضح في الشكل التالي :

Scanned with ACE Scanner

$$\sigma^2 u = \sigma^2 u\,p + \sigma^2 ut \qquad (٣-٣)$$

إذ $\sigma^2 u\,p$ التباين البيني الدائم

و $\sigma^2 ut$ التباين البيني المؤقت

٣-١-٢ مكونات التباين الوراثي لموقع وراثي ما :

يعرف التباين إحصائياً أنه القيمة المتوقعة لمتوسط مربع انحرافات قيم الصفات عن متوسط العشيرة μ ويعبر عنه حسب الشكل التالي :

$$\sigma^2 = \sum_{i=1}^{n} f_i (x_i - u)^2 \qquad (٤-٣)$$

لو قامت الدراسة على موقع وراثي واحد فيه ترتيب القيم الوراثية حسب التراكيب الوراثية ، عندئذ يمكن حساب التباين من الشكل (٣-٤) . ولأن الآثار الوراثية تسبب الانحرافات عن متوسط العشيرة حسب الجدول (٣ - ٢) فإنه يمكن حساب التباين الوراثي حسب الشكل (٣-٤) فبالنسبة للتباين الوراثي التجمعي $\sigma^2 ga$ يستنتج حسب المراحل التالية :

$$\sigma^2 ga = p^2 (2q\,\alpha)^2 + 2p\,q\,[(q - p)\alpha]^2 + q^2 (-2p\,\alpha)^2$$

$$= 2\,p\,q\,\alpha^2 (2pq + q^2 - 2pq + p^2 + 2pq)$$

$$= 2\,p\,q\,\alpha^2$$

$$= 2pq\,[a + d (q - p)]^2 \qquad (٥-٣)$$

فالتباين الوراثي التجمعي هو نتيجة لكل من تكرارات المورثة وأثر استبدال المورثة الذي يتعلق بـ a و d .

Scanned with ACE Scanner

بطريقة مماثلة يمكن استنتاج التباين السيادي $\sigma^2 do$ لموقع واحد :

$$\sigma^2 do = p^2 (- 2 q^2 d)^2 + 2pq (2pqd)^2 + q^2 (-2 p^2 d)^2$$

$$= 4 p^2 q^2 d^2 (p^2 + 2pq + q$$

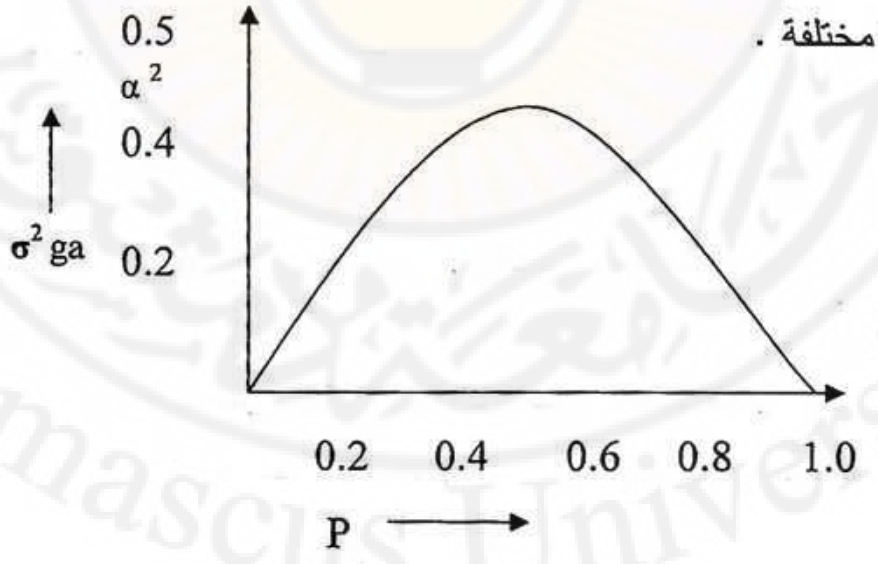
$$= (2pqd)^2 \qquad (٦-٣)$$

فالتباين السيادي يتعلق بتكرارات المورثة ودرجة السيادة . إن التباين الوراثي للموقع الواحد هو مجموع التباين الوراثي التجمعي والسيادي لعدم وجود ارتباط نوعي التباين المذكورين مع بعضهما البعض .

$$\sigma^2 g = \sigma^2 ga + \sigma^2 do$$

$$= 2pq \alpha^2 + (2pqd)^2 \qquad (٧-٣)$$

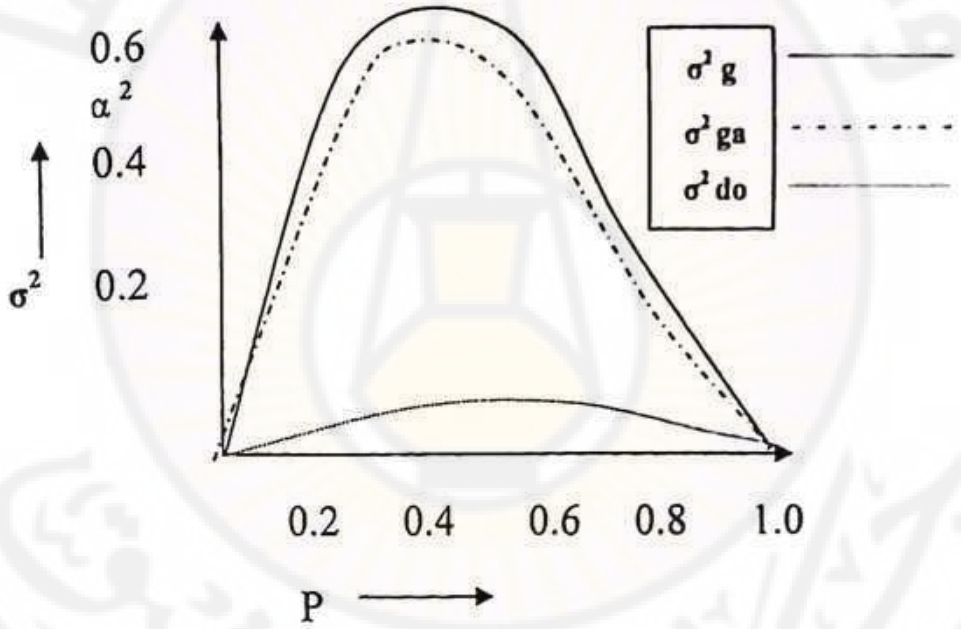
ونبين في المخططات البيانية (٣-٢) (٣ - ٣) (٣ - ٤) مكونات التباين الوراثي لموقع واحد ، وذلك حسب تكرارات المورثات وبظهور درجة سيادة مختلفة .



المخطط (٢ - ٣) علاقة لتباين الوراثي بتكرار المورثات في التوريث التوسطي

Scanned with ACE Scanner

إن معدل التباين الوراثي التوسطي (d = 0) محدد تراكمياً (المخطط ٣-٢) و يبلغ حده الأقصى عندما يظهر كلا القرينين بالتكرار نفسه (p = q = 0.5) ويساوي إلى الصفر في نقطة النهاية (p = 0 أو q = 0) إذ يظهر تركيب وراثي واحد فقط . فلا يتوافر عندئذ أي تباين وراثي في الموقع المذكور . ويتأثر التباين الوراثي التجمعي عند ظهور أثر سيادي في الموقع نفسه (٣ - ٣) ويزداد الحد الأعظمي لـ σ2 ga ويتحول إلى قيم p < ٠,٥ .



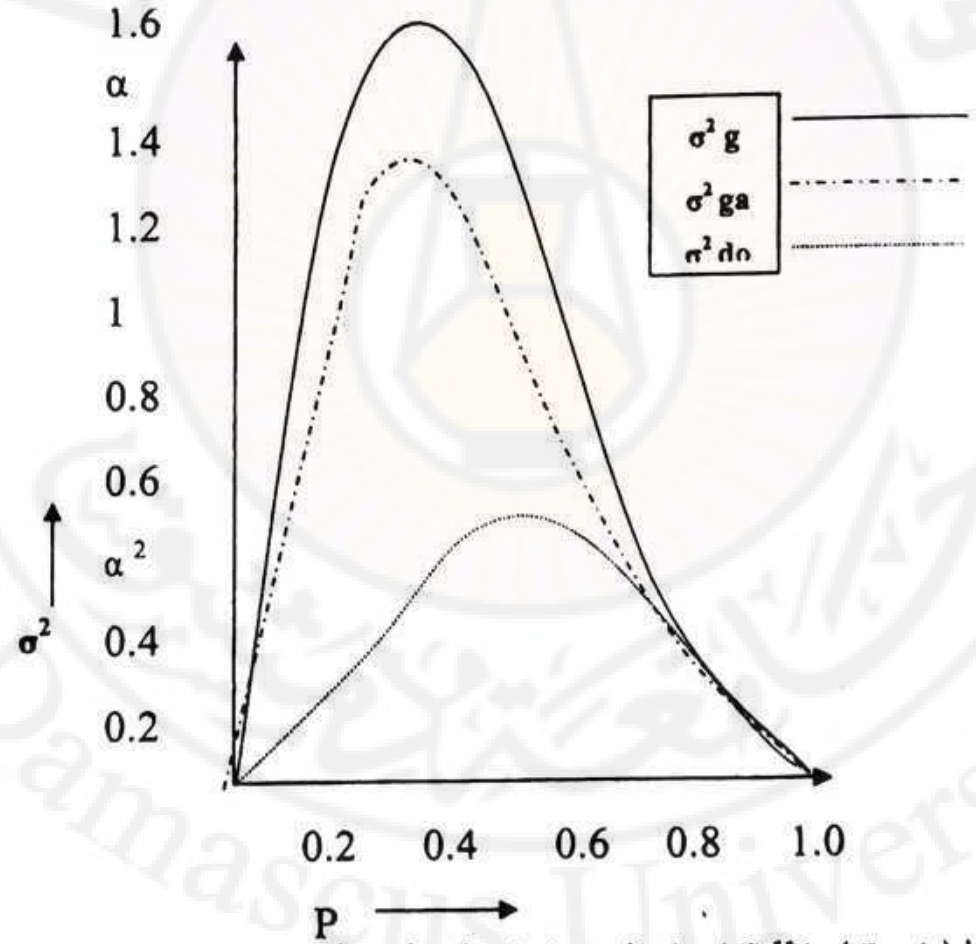
المخطط (٣ - ٣) علاقة التباين الوراثي بتكرار المورثات في السيادة الجزئية (d = 0.5 a)

ونرى ذلك واضحاً من خلال المقارنة بين المخططين (٣-٢) و (٣ - ٣) وبمقارنة أخرى مع المخطط (٣-٢) نلاحظ أن ارتفاع درجة السيادة تزيد من التباين الوراثي أيضاً . إن حالة فوق السيادة المعروضة في المخطط (٣-٤) تشير إلى أن التباين الوراثي التجمعي يصبح صفراً عند قيمة

Scanned with ACE Scanner

$P = 0.83$ ويعاود إلى الارتفاع قليلاً مع ازدياد قيمة P الأمر الذي يجب استغلاله علمياً لرفع القيمة المتوسطة من خلال الانتخاب في الاتجاه المعاكس (ضد A_1 لصالح A_2) .

إن التباين الوراثي التجمعي يكون في العشيرة عند تكرارات المورثات هذه قليلاً جداً وبالتالي يعزى معظم التباين الوراثي إلى التباين السيادي فقط وهذه النتيجة يمكن قراءتها في المخطط (٣-٤) وتجدر الإشارة إلى أن المقياس المختار للتعبير عن التباين هو α^2



المخطط (٤ - ٣) علاقة التباين الوراثي بتكرار المورثات في حالة السيادة الزائدة (d = 1.5 a)

Scanned with ACE Scanner

٣ – ٢ التباين المشترك بين الأفراد الأقارب :

٣- ٢ – ١ تعريف وأهمية التباين المشترك :

إنه التشابه بين الأفراد الأقارب (عند غض النظر عن العوامل المؤثرة البيئية المشتركة) يقوم عل تطابق جزء من المورثات التي تملكها ، وبالتالي تظهر تراكيبها الوراثية بعضاً من التوافق . وينتج عن هذا تشابه في أشكالها الظاهرية ، والذي بسبب التأثير المتبادل المتنوع بين المورثات والعوامل البيئية المؤثرة في الصفات لا يظهر بين حيوانات ذات نفس درجة القرابة بنفس الوضوحية . إلا أن تباين الصفات يملك عند الأفراد الأقارب بعضاً من الأساس المشترك ، فالتغيير المشترك للصفات يطلق عليه التغاير co variation ويستخدم كمقياس له التباين المشترك covariance ، ويمكن الكشف عن التباين المشترك بين الأفراد الأقارب بمساعدة تحليل التباين أو تحليل الارتباط .

إن تحليل التباين يتيح توزيع التباين المظهري إلى المكونتين خارج المجموعات وداخل المجموعات وعادة تتشكل المجموعات من حيوانات لها درجة القرابة نفسها وهي مجموعة الأخوة الأشقاء أو أنصاف الأشقاء وتجدر الإشارة إلى أنه كلما ازداد التشابه بين حيوانات المجموعة الواحدة بمعنى آخر كلما كبر جزء المورثات المشتركة ازداد الاختلاف بين مجموعات الأقارب.

إن مكونات التباين (داخل المجموعات) تمثل تباين قيم الصفة عند الأفراد عن متوسط المجموعات ، والمكونة (بين المجموعات) هي عبارة عن تباين القيم الحقيقية لمتوسط المجموعات عن متوسط عشيرة كل الحيوانات المستخدمة في التجربة . إن تباين متوسط المجموعات أو الصفوف يتطابق مع

Scanned with ACE Scanner

التباين الذي تملكه حيوانات إحدى المجموعات وهذا هو التباين المشترك بين الأفراد الأقارب حسب التعريف الأنف الذكر .

عند الكشف عن التباين المشترك بين الأهل والنسل يستخدم الارتباط أو الانحدار إذ يتواجد في بسط معامل الارتباط أو الانحدار كما هو معروف في التباين المشترك للمتغيرات.

إن التباين المشترك بين الأفراد والأقارب هو مقياس وراثي مهم للعشيرة . ففي الفقرات السابقة أظهرنا كيفية حساب التباين الوراثي للعشيرة من تكرارات المورثة والآثار الوراثية . ولكن في الصفات الكمية يستحيل الكشف عن التباين الوراثي بالأسلوب نفسه ، وذلك لعدم معرفة سواء تأثيرات المورثات وتكرارات المورثات أو إعداد المواقع الوراثية المشاركة في إصدار الصفة . ولما كان من الضروري معرفة مقدار تركيب التباين الوراثي لهدف التحسين الوراثي ، وجب استخدام طرائق أخرى لتحقيق هذا الهدف . وهنا يمكن إثبات أن التباين المشترك بين الأفراد الأقارب يحتوي على أجزاء التباين الوراثي ، وبالتالي يقدم نفسه كطريقة للكشف عن التباين الوراثي داخل العشيرة . ويعدّ في الحياة العملية أسلوباً مهماً في التحسين الوراثي لعدم ضرورة تنفيذ تجارب إضافية ، بل يمكن ومن خلال طلبات مبرمجة في العشيرة الحصول على قيم تقديرية دقيقة للتباين الوراثي .

سنبين في دراستنا التالية استنتاج التباين المشترك بين الأفراد والأقارب وذلك لموقع وراثي واحد . ويعود هذا الاستنتاج إلى falconer 1960 .

Scanned with ACE Scanner

٣ – ٢ – ٢ استنتاج التباين المشترك بين الأهل والنسل :

إن التباين المشترك بين أب وفرد من نسله ينتج من المعادلة التالية :

$$Cov(E,N) = \sum fi\,(x_i - \mu_x)(y_i - \mu_y)$$

إذ fi = تكرار القيم .

x_i = قيمة التركيب الوراثي للأب i .

μ_x = متوسط عشيرة الأب i .

y_i = قيمة التركيب الوراثي للابن i .

μ_y = متوسط عشيرة الأبناء .

الشكل (٣–٨)

إن التعابير الموجودة ضمن الأقواس تطابق الآثار الوراثية للأهل والنسل والتي تعرف بأنها انحرافات القيم الوراثية عن متوسط العشيرة.هذا وقد تم استنتاجها مسبقاً بالنسبة للأهل في الجدول (٣ – ٢) ولاستنتاج الآثار الوراثية للأبناء ننطلق من الأفكار التالية :

إن كل أب يعطي نصف مورثاته إلى نسله ، لذلك يملك الأهل والنسل ٥٠ % من المورثات المتطابقة . في عشيرة ما بحالة التوازن ، والتي هي أساس الدراسة ، لا تتغير تكرارات المورثات والتكرارات الوراثية ويبقى متوسط العشيرة ، ثابتاً ، أي $\mu x = \mu y$. على رغم ذلك لا يطابق الأثر الوراثي للنسل 1/2 g للأهل كما كنا نتوقع . فمن خلال إعادة تركيب المورثات في جيل الأبناء تأثيرات متبادلة جديدة بين المورثات ، وبالتالي فالانحراف السيادي الموجود عند الأهل لا ينقل إلى النسل . المورثات تحقق

Scanned with ACE Scanner

عند الأبناء فقط متوسط تأثيراتها ، لذلك تطابق القيمة الوراثية للنسل نصف القيمة الوراثية التجمعية للأهل ، كما هو معروف أنها تمثل مجموع متوسط التأثيرات الوراثية . وبنفاذ الشرط $\mu x = \mu y$ يتحقق أيضاً تساوي متوسط الأثر الوراثي للنسل لنصف الأثر الوراثي التجمعي 1/2 ga للأهل . وبذلك يمكن استنتاج الأثر الوراثي للنسل من معطيات الجدول (٣ – ٢) بسهولة .

في الجدول (٣–١) تعرض القيم الضرورية للكشف عن التباين المشترك . لوجود العشيرة بحالة توازن فإننا نحصل على تكرارات القيم من تكرارات المورثات وهي متطابقة في جيل الأهل والنسل .

التركيب الوراثي	التكرار σ	الأثر الوراثي للأهل	متوسط الأثر الوراثي في النسل
A_1A_1	P^2	$2q(\alpha - qd)$	$q\alpha$
A_1A_2	$2pq$	$(q-p)\alpha + 2pqd$	$0.5(q-p)\alpha$
A_2A_2	q^2	$-2p(\alpha + pd)$	$-p\alpha$

الجدول (٣–١) آثار التراكيب الوراثية عند الأهل والنسل في التلقيح العشوائي

Scanned with ACE Scanner

لاستنتاج التباين المشترك (cov (E,N بين أب واحد وفرد من النسل نعوض في المعادلة (٣-٨) ما يناسب اليم من الجدول السابق فيكون لدينا :

$$Cov\,(E,N) =$$

$$p^2 2q\,(\alpha - qd)\,q\,\alpha + pq\,[\,(q-p)\,\alpha + 2pqd\,]\,(q-p)\,\alpha + 2p^2q^2\,\alpha\,(\alpha + pd)$$

$$= pq\,\alpha^2\,(p^2 + 2pq + q^2) + 2p^2q^2\,\alpha\,d\,(-q + p - p + p)$$

$$= pq\,\alpha^2 \qquad (٣-٩)$$

ولأن $\sigma^2 ga = 2pq\,\alpha^2$ ينتج أن $Cov\,(E,N) = 0.5\ \sigma^2 ga$

بالنسبة للصفات غير المحددة بالجنس يمكن استخدام قيم الصفات عند الأبوين لتقدير التغاير عن طريق تشكيل متوسط الأهل لقد استخدم falconer 1960 لاستنتاج التباين المشترك في هذه الحالة قيم التراكيب الوراثية بدلاً من الآثار الوراثية . في الجدول (٣-٢) يرتب متوسط الأهل ، والقيمة الوراثية المتوسطة لنسل على أساس الأشكال المختلفة للتلقيح .

يبلغ التباين المشترك بين متوسط الأهل والنسل (cov (E,N

$$Cov\,(E,N) = \Sigma\, p - u\, 2$$

$$= a^2\,[\,p^3(p+q) + q^3(p+q)\,] + 2adpq\,(p^2 - q^2) + d^2\,pq\,(p^2 + q^2)$$

$$= [\,a^2(p^2 - 2pq + q^2) + 4\,adpq\,(p - q) + 4d^2p^2q^2\,]$$

$$= a^2pq - 2\,adpq\,(p - q) + d^2\,pq\,(p - q)^2$$

$$= pq\,[\,a + d\,(q - p)\,]^2$$

$$= pq\,\alpha^2 = 0.5\,\sigma^2\,ga \qquad (٣-١٠)$$

Scanned with ACE Scanner

التركيب الوراثي للأهل	تكرار التلقيح	متوسط الأهل	تكرارات القيمة الوراثية للنسل			متوسط النسل	متوسط النسل x متوسط الأهل	مربع متوسط النسل
			A_1A_1 a	A_1A_2 D	A_2A_2 -a			
A_1A_1 A_1A_1	p^4	a	1	-	-	a	a^2	a^2
A_1A_1 A_1A_2	$4p^3q$	0.5(a+d)	0.5	0.5	-	0.5(α+d)	0.25X (a2+2ad + d2)	0.25 X (a2+2as+d2)
A_1A_1 A_2A_2	$2p^2q^2$	0	-	1	-	d	0	d^2
A_1A_2 A_1A_2	$4p^2q^2$	D	0.25	0.5	0.25	0.5d	0.5 d^2	$0.25d^2$
A_1A_2 A_2A_2	$4pq^3$	0.5(- a+d)	-	0.5	0.5	0.5(-a+d)	0.25 X (a2-2ad+d2)	0.25X (a2+2ad+d2)
A_2A_2 A_2A_2	Q^4	-a	-	-	1	-a	a^2	a^2

الجدول (٣-٢) متوسط الأهل والنسل لاستنتاج التباين المشترك حسب falconer1960

ومن هذه النتيجة نلاحظ أن التباين المشترك بين متوسط الأهل وفرد من النسل لا يختلف عن التباين المشترك بين أب وفرد من نسله . وتعتبر هذه الملاحظة ذات صلاحية عامة . فالتباين المشترك لأحد الحيوانات مع متوسط مجموعة من الأفراد الأقارب يتطابق مع التباين المشترك لهذا الحيوان مع ممثل لهذه المجموعة الأقارب . وبناء عليه فإن التباين المشترك بين أب واحد ومتوسط نسله يساوي إلى نصف التباين الوراثي التجمعي أيضاً .

٣ – ٢ – ٣ التباين المشترك بين الأخوة :

نحصل على التباين المشترك بين الأخوة من تحليل التباين وكما استنتجنا سابقاً بأن تباين القيم المتوسطة لمجموعات الأخوة يطابق التباين المشترك

Scanned with ACE Scanner

الأخوة بالنسبة للأخوة أنصاف الأشقاء يتم استنتاج التباين المشترك cov (HG) بسهولة تامة من الجدول (٣ - ١) إذ يتناسب متوسط الآثار الوراثية مع انحرافات المتوسط العشيرة μ ؛ لذلك يمكن من هذا استنتاج المعادلة التالية :

$$Cov(HG) = p^2 (q\alpha)^2 + 2pq [0.5 (q-p)\alpha]^2 + q^2 (-p\alpha)^2$$

$$= p^2q^2\alpha^2 + 0.5\, pq (q-p)^2 \alpha^2 + p^2q^2\alpha^2$$

$$= pq\alpha^2 [pq + 0.5 (q-p)^2 + pq]$$

$$= 0.5\, pq\alpha^2 (p+q)$$

$$= 0.5\, pq\alpha^2 \qquad (٣ - ١١)$$

وتبلغ النتيجة المذكورة $\frac{1}{4}\sigma^2 ga$. ويقدر التباين المشترك بين الأخوة الأشقاء من متوسط قيمة النسل حسب الجدول (٣-٢) فالأشكال الستة للتلقيح تنتج ست مجموعات مختلفة من الأخوة الأشقاء ، لأن أفراد نسل أي تركيبة يملكون نفس الأب والأم .

لو قارنا مجموع ناتج متوسط الأهل X متوسط النسل (Σ p) مع مجموع مربع متوسط النسل (Σ q) في الجدول (٣-٢) لاستنتجنا أن :

$$\Sigma q = \Sigma p + d2\ 2p2q2 - \frac{1}{4} D2\ 4\ p2q2$$

$$= \Sigma p + p2q2\ d2$$

Scanned with ACE Scanner

ولأن المسألة هنا تتعلق بالقيمة الوراثية يجب كما هو الحال عند متوسط الأهل طرح $\mu 2$ ويبلغ التباين المشترك للأخوة الأشقاء (vg) cov :

$$Cov\ (\ vg\ ) = \Sigma\ p\ - \mu^2 + p^2q^2\ d^2$$

$$= Cov\ (\ E.N\ ) + p^2q^2d^2$$

$$= pq\ \alpha^2 + (\ pqd\ )^2$$

$$= 0.5\ \sigma^2\ ga + 0.25\ \sigma^2\ do \qquad (\ ١٢ - ٣)$$

وبالتالي فهو يحتوي إلى جانب نصف التباين الوراثي التجمعي ربع التباين السيادي .

٣ – ٣ – طريقة شاملة لاستنتاج التباين المشترك لعدد n من المواقع :

خلال عرضنا لفقرة استنتاج التباين المشترك لموقع وراثي واحد تناولنا طريقة سهلة وقد لاحظ القارئ أن هذه الطريقة لا تمكن من الكشف عن التباين التفوقي لذلك سنعمد في هذه الطريقة إلى تلافي هذا النقص لتكون الحالة معبرة بشكل أكثر عن الحقيقة . ويعود أساس هذه الطريقة إلى Kempthorne1955 التي تذكر شكلاً عاماً لاستنتاج التباين المشترك ولمختلف درجات القرابة بين الأفراد والتي يصلح لعدد من المواقع n وبالتالي تشمل كل مكونات التباين الوراثي وهذا الشكل هو :

$$cov(\ x,y\ ) = \qquad (\ ١٣ - ٣)$$

$$= 0.5\ (\ \Phi+\Phi'\ )\ \sigma^2\ ga + \Phi\Phi'\ \sigma^2\ do + (0.5)^2\ (\Phi+\Phi'\ )\ (\Phi\Phi')s\ \sigma^2xx$$

وفيما يلي شرح الرموز المستخدمة :

Scanned with ACE Scanner

Φ احتمال لامتلاك كل من x,y مورثات متطابقة من الأب .

Φ' احتمال لامتلاك كل من x,y مورثات متطابقة من الأم .

σ^2 ga التباين الوراثي التجمعي .

σ^2 do التباين السيادي .

σ^2xx مكونات التباين التفوقي .

r عدد مواقع المورثات التي ينشأ بينها تأثير متبادل سببه آثار تجمعية .

s عدد مواقع المورثات التي ينشأ بينها تأثير متبادل سببه الانحرافات السيادية عند إهمال لتشابه البيئي الممكن ظهوره بين الأقارب نحصل على التباين المشترك الوراثي لمختلف درجات القرابة التالية مع العلم أنه سيُستخدم الرمزان x,y للحيوانات الأقارب .

٣ -٣- ١ التوائم المتطابقة :

يفترض في هذه الدراسة أنه لاتوجد أية قرابة بين الأهل فمورثات الأب في موقع وراثي معين هما a , b ومورثات الأم لنفس الموقع هما c , d إن احتمال أن يعطي الأب المورثة a إلى التوأمين x , y يبلغ ٠,٥ وكذلك الأمر بالنسبة لاحتمال إعطاء المورثة b لذلك يكون:

Φ = ٠,٥ + ٠,٥ = ١ انطلاقاً من نفس الفكرة نحصل على Φ' = ٠,٥ + ٠,٥ = ١ . والتباين المشترك يبلغ للتوأمين المتطابقين :

$$\text{cov}(M2) = \qquad (١٤-٣)$$

$$= 0.5(1+1)\sigma^2 ga + (1-1)\sigma^2 do + (0.5)^r (1+1)^r (1.1)^s \sigma^2 xx$$

Scanned with ACE Scanner

بالنسبة للتباين الوراثي التجمعي والتباين السيادي يمكن الحصول عليهم مباشرة من مكونات التباين $\sigma 2\ ga$ و $\sigma 2\ do$. أما مكونات التباين التفوقي فيجب الكشف عن التأثير المتبادل بين موقعين أو ثلاثة أو أكثر من ذلك . فبالنسبة لموقعين وراثيين نتبع ما يلي :

$(0.5)^2 (1+1)^2 (1.1)^0 \sigma^2 (ga)(ga)$ $\quad r=2 , s=0$

$(0.5)^1 (1+1)^1 (1.1)^1 \sigma^2 (ga)(do)$ $\quad r=1 , s=1$

$(0.5)^0 (1+1)^0 (1.1)^2 \sigma^2 (do)(do)$ $\quad r=0 , s=2$

والتداخل بالنسبة لثلاثة مواقع وراثية هو :

$(0.5)^3 (1+1)^3 (1.1)^2 \sigma^2 (ga)(ga)(ga)$ $\quad r=3 , s=0$

$(0.5)^2 (1+1)^2 (1.1)^0 \sigma^2 (ga)(ga)(do)$ $\quad r=2 , s=1$

$(0.5)^1 (1+1)^1 (1.1)^2 \sigma^2 (ga)(do)(do)$ $\quad r=1 , s=2$

$(0.5)^0 (1+1)^0 (1.1)^3 \sigma^2 (do)(do)(do)$ $\quad r=0 , s=3$ وبهذا

يبلغ التباين المشترك :

$$Cov(it) = \sigma^2(ga) + \sigma^2(do) + \sigma^2(ga)(ga) + \sigma^2(ga)(do) + + \sigma^2(ga)(ga)(ga) + \sigma^2(ga)(ga)(do) + \sigma^2(ga)(do)(do) + + \sigma^2(do)(do)(do)$$

$$= \sigma^2(ga) + \sigma^2(do) + \sigma^2(ep) \qquad (١٥-٣)$$

Scanned with ACE Scanner

فالتباين المشترك الوراثي للتوائم المتطابقة يشتمل كل التباين الـوراثي . ونشير هنا إلى أنه يمكن أن نظهر تأثيرات متبادلة بين أربعـة أو أكثـر مـن المواقع الوراثية .

٣ -٣ -٢ الأخوة الأشقاء :

إن الأخوة الأشقاء x , y يشتركون بنفس الأب والأم ويبلغ احتمال نقـل الأب لمورثته a إلى ابنه x أو y وهو (٠,٥) أما بالنسبة لاحتمـال انتقـال متواقت لهذه المورثة إلى x , y (الأخوة الأشـقاء) يبلـغ (٠,٢٥) ، ولأن المورثة b تملك نفس الإمكانية لانتقالها إلى كلا الفردين فإن :

$$\Phi = ٠,٢٥ + ٠,٢٥ = ٠,٥$$

وبناء على ذلك ينتج التباين المشترك الوراثي بين الأخوة الأشقاء :

$$Cov(vg) =$$

$$0.5(0.5 + 0.5)\sigma^2(ga) + (0.5)(0.5)\sigma^2(do) + (0.5)^2(0.5 + 0.5)^2 [(0.5)(0.5)]s\sigma^2(xx) =$$

$$= 1/2\,\sigma^2(ga) + 1/4\sigma^2(do) + 1/4\,\sigma^2(ga)(ga) + 1/8\,\sigma^2(ga)(do) + 1/16\,\sigma^2(do)(do) + 1/16\,\sigma^2(ga)(ga)(do) + 1/32\,\sigma^2(ga)(do)(do) + 1/64\,\sigma^2(do)(do)(do) + \ldots\ldots \quad (٣-١٦)$$

Scanned with ACE Scanner

٣ – ٣ – ٣ الأخوة أنصاف أشقاء :

من المعروف أن الأخوة أنصاف أشقاء يشتركون بأب واحد . فبالنسبة للأخوة أنصاف أشقاء من ناحية الأب يكون Φ = ٠,٥ و Φ' = الصفر ، بينما بالنسبة للأخوة أنصاف أشقاء من ناحية الأم يكون Φ = الصفر و Φ' = ٠,٥ وتتساوى قيمتا التباين المشترك في كلتا الحالتين وتبلغ إلى :

$$Cov(HG) =$$

$$1/2(1/2+0)\sigma^2(ga)+(0)\sigma^2(do)+(1/2)^r(1/2+0)^r(1/2\ X\ 0)^s\sigma^2(xx)$$

$$= 1/4\,\sigma^2(ga) + 1/16\,\sigma^2(ga)(ga) + 1/64\,\sigma^2(ga)(ga)(ga) + \ldots \quad (١٧-٣)$$

فالتباين المشترك للأخوة أنصاف الأشقاء يحتوي بالإضافة إلى ربع التباين الوراثي التجمعي جزءاً قليلاً فقط من التباين التفوقي . الذي ينتج عن التأثير المتبادل تجمعي X تجمعي .

٣ – ٣ – ٤ الأهل – والنسل :

إن التباين المشترك لحالة الأهل والنسل تختلف قيمته حسب جنس الأب . ففي حالة تناول دراسة التشابه بين الأب والنسل كان Φ = ١ و Φ' = الصفر ، وفي حالة دراسة التشابه بين الأم والنسل يكون Φ = الصفر و Φ' = ١ . ومن هذا ينتج أن :

$$cov(E,N) = \qquad (١٨ - ٣)$$

$$= 1/2\,(1+0)\,\sigma^2(ga) + (1)(0)\,\sigma^2(do) + (1/2)^r(1+0)^r(1.0)^s\,\sigma^2(xx)$$

$$= 1/2\,\sigma2\,(ga) + 1/4\,\sigma2\,(ga)(ga) + 1/8\,\sigma2\,(ga)(ga)(ga) + \ldots\ldots\ldots$$

Scanned with ACE Scanner

فمن الملاحظ أن التباين المشترك يحتوي على نصف التبـــاين الـــوراثي التجمعي وجزء من التباين التفوقي ناتج عـــن التـــداخل تجمعـــي X تجمعـــي ويتجاوز مقداره التباين التفوقي في حالة الأخوة أنصاف الأشقاء .

إن لهذه الحالات أهمية بالغة عند تقدير المقاييس الوراثية مثل المكـــافئ الوراثي h^2 فهي تشير إلى الرصيد الوراثي الحقيقي للتحسين الوراثي حسب كل أسلوب .

Scanned with ACE Scanner

الفصل الرابع

المؤشرات الوراثية للعشائر

٤ – ١ مؤشرات العشيرة .

٤ – ٢ المكافئ الوراثي .

٤ – ٢ – ١ تقدير المكافئ الوراثي .

٤– ٢ –١ – ١ تقدير المكافئ الوراثي من دون انتخاب .

٤– ٢ – ١ – ١ – ١ تحليل التباين بين الأخوة الأشقاء وأنصاف الأشقاء .

٤ – ٢– ١ – ١ –٢ تحليل العلاقة بين الأهل والنسل .

٤– ٢ – ٢ تقدير المكافئ الوراثي بعد الانتخاب .

٤– ٣ الارتباط الوراثي .

٤ – ٣ – ١ تقدير معامل الارتباط الوراثي من خلال تحليل الارتباط أو الانحدار.

٤ – ٣ – ٢ تقدير الارتباط الوراثي بواسطة تحليل التباين والتباين المشترك للأخوة .

٤ – ٤ معامل التكرار .

Scanned with ACE Scanner

المؤشرات الوراثية للعشائر

إن توصيف سمة ما بالعشيرة يتطلب من وجهة نظر التحسين الوراثي ذكر المؤشرات الوراثية والمظهرية الخاصة بهذه السمة . وعندما تتناول الدراسة صفات كثيرة في العشيرة ، يصبح من الضروري إضافة بعض المؤشرات إلى الدراسة ، وخاصة تلك التي تشير إلى العلاقات بين هذه الصفات. في هذا الفصل يتناول عرض الموضوع كلاً من متوسط العشيرة μ والتباين σ^2 والمكافئ الوراثي h^2 والارتباط الوراثي Q_{gy} .

إن كل تقدير للمؤشرات المذكورة ينطوي على خطأ ، لذلك يجب التأكيد على ذكر الدقة لكل مؤشر مقدر . فمن خلال مراعاة الدقة يمكن الحكم على موضوعية هذا التقدير . إلا أن هذا الطلب وللأسف محدود التنفيذ . فطرائق التقدير معقدة إذ لا يتوافر شكل معين للدقة . لذلك يعتمد في هذه الحالات على طرائق تقدير تقريبية للدقة لتنفيذ الطلب المذكور بشكل مقبول ، كما سنلاحظ ذلك في هذا الفصل .

٤ -١ مؤشرات العشيرة :

في هذه الفقرة يشرح الطلب المذكور سابقاً من خلال تقدير لـ μ لتوزيع طبيعي ما normal distribution . إن القيمة المتوسطة لتوزيع ما تقدر من خلال الوسط الحسابي X

$$\overline{x} = \sum_{1}^{n} \frac{xi}{n} \qquad (٤-١)$$

وإذا تم هذا التقدير على عينة عشوائية ، عندئذ يصح أن :

$$\sigma^2 \overline{x} = \sigma^2 \frac{x}{n} \qquad (٤-٢)$$

Scanned with ACE Scanner

أما دقة تقدير μ من خلال $\bar{x}$ فيمكن الإشارة إليها من خلال تبـاين متوسط القيمة ، ويعرض الشكل (٢ – ٤) العلاقة بين الدقة وحجم العينة ، إلا أن الشكل المذكور لا يمكن استخدامه عملياً ، لأن قيمة σ^2 غير معروفة ويلزم تقديرها من خلال S^2 .

$$s^2 = \frac{1}{n-1}\sum_{i=1}^{n}(xi-\bar{x})^2 = \frac{1}{n-1}\left(\sum_{i=1}^{n} x_i^{\,2} - \frac{(\sum_{i=1}^{n} xi)^2}{n}\right) \quad (٤-٣)$$

ولو عوضنا الشكل (٤ –٣) في (٤ –٢) لنتج التقدير التالي :

$$s^2 = \frac{1}{n(n-1)}\left(\sum_{i=1}^{n} xi^{\,2} - \frac{(\sum_{i=1}^{n} xi)^2}{n}\right) \quad (٤-٤)$$

فمن خلال القيم n , $\bar{x}$, Sx يمكن وصف عينة عشـوائية ذات توزيـع طبيعي . وللمهتمين لإنيات الموضوع يمكنهم مراجعة الكتب الرياضية والإحصائية المختصة وبصورة خاصة لـ Rasch والآخرين (١٩٧٨) .

٤–٢ المكافئ الوراثي heritability :

يعدّ المكافئ الوراثي من أهم المقاييس الوراثية للعشائر وهو عبارة عـن نسبة التباين الوراثي إلى التباين المظهري :

$$h^2 = \frac{\sigma^2 g}{\sigma^2 g = \sigma^2 u} = \frac{\sigma^2 g}{\sigma^2 p} \quad (٤-٥)$$

Scanned with ACE Scanner

تتراوح قيمة المكافئ الوراثي حسب الشكل (٥ – ٤) بين الصفر والواحد $0 \leq h^2 \leq 1$ أو بتعبير آخر من ١٠٠ % $\geq h^2 \geq$ ٠ % .

إن المكافئ الوراثي لصفة ما يشير إلى الإمكانات المتوافرة في العشيرة لزيادة الإنتاج من خلال أساليب التحسين الوراثي . فإذا كانت قيمة h^2 قريبة أو تساوي الصفر ، هذا يعني أنه لا يتوافر تقريباً أي تباين وراثي ، وإن مجموع التباين المظهري هو تباين بيئي ، ولا يجدي نفعاً استخدام أساليب التحسين الوراثي في مثل هذه الحالات . على العكس من ذلك في حال كانت قيمة المكافئ الوراثي مرتفعة ، إذ تشير هنا إلى أن الجزء الكبير من التباين المظهري بين الأفراد محدد وراثياً ، فالحيوانات العالية الإنتاج تملك في هذه الحالة أساساً وراثياً جيداً ، وإن استخدام التحسين الوراثي لمثل هذه الحيوانات سيزيد من تكرار المورثات المشجعة والمحسنة للإنتاج في أفراد النسل ، مما يؤدي بالنتيجة إلى رفع الإنتاج . لذلك يلعب المكافئ الوراثي دوراً مهماً في التنبؤ عن النجاح الانتخابي الممكن عن طريق أساليب الانتخاب . تختلف قيم المكافئ الوراثي بين الصفات في العشيرة الواحدة وبين العشائر في الصفة الواحدة . فصفات التأقلم Fitness والصفات التي ترتبط معها تتصف بـ قيم مكافئ وراثي منخفضة ، وقد يكمن السبب في التأثير المستمر للانتخاب الطبيعي الذي أدى إلى انخفاض التباين الوراثي وبالتالي إلى تقييد إمكانات التحسين الوراثي ، كما أن الانتخاب المستمر للصفات الذي يقوم أساساً على استغلال التباين بين الأفراد داخل العشيرة يؤدي إلى خفض هذا التباين في العشائر الخاضعة للانتخاب ، وبالتالي إلى قيم منخفضة للمكافئ الوراثي ؛ لذلك تصلح القيم المقدرة للمكافئ الوراثي فقط للعشائر التي أخذت منها العينات

Scanned with ACE Scanner

العشوائية لإجراء هذا التقدير . بالمقابل يمكن زيادة المكافئ الـوراثي سـواء عن طريق الخلط بين عشائر مختلفة وراثياً أو عن طريق خفض التباين البيئي. ويتحقق الشرط الأخير بتوحيد العوامل أو الظروف البيئية في اختبار الإنتاج .

إحصائياً يمكن فهم المكافئ الوراثي على أنه معامل انحدار القيم الوراثية على القيم المظهرية للصفات . فمعامل الانحدار هو نسـبة التبـاين المشـترك للمتغيرين إلى تباين المتغير المستقل . وبالتالي معامل الانحـدار بـين القـيم الوراثية والمظهرية هو :

$$B\,G.p = cov\,(G.p) / \sigma^2 p =$$
$$= cov\,(\mu + g, \mu + g + u) / \sigma^2 p$$
$$= \sigma^2 g / \sigma^2 p = h^2 \qquad (٤-٦)$$

وتجدر الإشارة إلى أن $cov\,(g.u)$ = الصـفر وأن $\sigma^2 g = cov\,(g.g)$:

وبناء على تعريف معامل الانحدار فإن $h2$ تشير إلى عدد الوحدات التي تتغير فيها بالمتوسط القيمة الوراثية ، عندما ترتفع القيمة المظهرية وحدة واحدة .

لتقدير القيمة الوراثية للحيوان من قيمته المظهريـة يمكـن الاسـتعانة بالمكافئ الوراثي كالآتي :

$$\hat{G}i = \mu + h^2\,(pi - \mu) \qquad (٤-٧)$$

إذ تشير μ إلى متوسط العشيرة

و $\hat{G}i$ = القيمة الوراثية المقدرة للحيوان i

و pi = القيمة المظهرية للحيوان i .

Scanned with ACE Scanner

من جهة أخرى يمكن اعتبار الـ h^2 مربع معامل الارتبـاط Qgp بـين القيمة الوراثية والمظهرية . فمعامل الارتباط هو حاصل قسمة التباين المشترك على الانحراف المعياري لكلا المتغيرين . ويعبر عن مربع معامل الارتباط بين القيم الوراثية والمظهرية حسب الشكل (٤-٦) :

$$Qg^2p = [\,cov\,(G\,P)\,]^2 / \sigma^2 g \,.\, \sigma^2 p$$
$$= \sigma^4 g / \sigma^2 g \,.\, \sigma^2 p =$$
$$= \sigma^2 g / \sigma^2 p = h^2 \qquad (٤-٨)$$

وبناء على ما تقدم فإن الجذر التربيعي للمكافئ الـوراثي h يسـاوي إلـى الارتباط بين القيم الوراثية والمظهرية ، وغالباً ما يستخدم هذا الشكل لتقدير نجـاح التحسين الوراثي .

إن التباين الوراثي يتشكل من مكونات مختلفة ، كما لاحظنا مسبقاً ،وتسـتغل هذه المكونات للتعبير عن مصطلحات خاصة بالمكافئ الوراثي . فالمكافئ الوراثي بالمعنى الواسع (h^2_w) يتضمن في بسطه كل مكونات التباين الوراثي كمـا هـو موضح في الشكل (٤-٩) .

$$h^2_w = (\sigma^2_{ga} + \sigma^2_{do} + \sigma^2_{ep}) / \sigma^2_p = \sigma^2_g / \sigma^2_p \qquad (٤-٩)$$

أما إذا اقتصرنا بسط المكافئ الوراثي على مكونة التباين الوراثي التجمعي ، لنتج المكافئ الوراثي بالمعنى الضيق (h^2_e) :

$$h^2_e = \sigma^2 ga / \sigma^2 p \qquad (٤-١٠)$$

ويستخدم المعنى الضيق للمكافئ الوراثي للتعبير عن القيمة الوراثية التجمعية للفرد (Ga) حسب الشكل التالي : $G_{ai} = \mu + h^2_e (p_i - \mu)$ ، وذلك انطلاقاً

Scanned with ACE Scanner

من التفسير الإحصائي الذي يشير بأن h^2_c يعدّ معامل الانحدار للقيمة الوراثية التجمعية (Ga) على القيمة المظهرية (p_i) للفرد .

٤-٢-١ تقدير المكافئ الوراثي :

٤-٢-١-١ تقدير المكافئ الوراثي من دون انتخاب :

إن تقدير المكافئ الوراثي من دون انتخاب يقوم على استغلال التشابه بين الأفراد الأقارب (الأخوة الأشقاء والأنصاف أشقاء والأهل والنسل) .

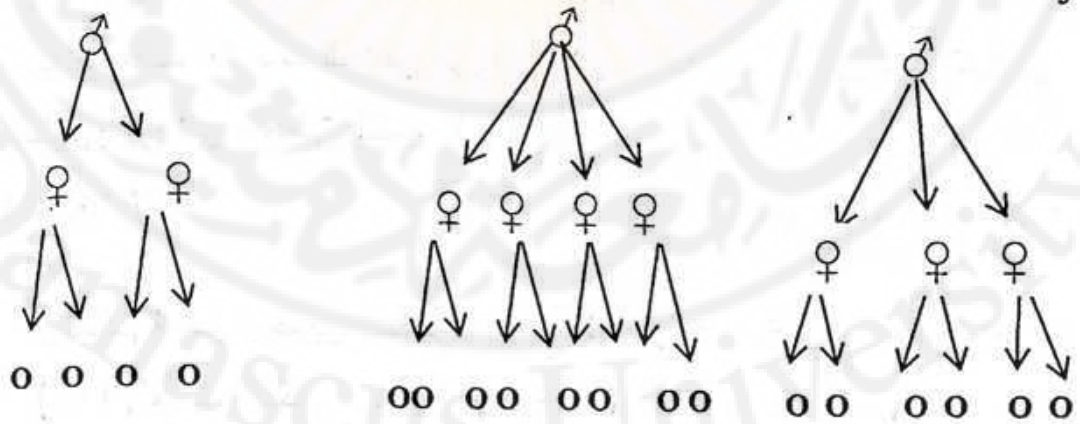
٤-٢-١-١-١ تحليل التباين بين الأخوة الأشقاء وأنصاف الأشقاء :

إن استخدام هذه الطريقة يستوجب أن تتبع مواد الدراسة التشكيل الموضح في المخطط (٤-١) .

أما النموذج الوراثي البسيط لتحليل الأخوة أشقاء وأنصاف أشقاء فله بشكل عام الشكل التالي :

$$X_{ijk} = \mu + 1/2\, g_{vi} + 1/2\, g_{Mij} + z\, v_{ijk} + ZM_{ijk} + u_{ijk} \quad (٤-١١)$$

إذ تشير X_{ijk} إلى القيمة المظهرية للفرد k الناتج من تزاوج الأب i مع الأم j .



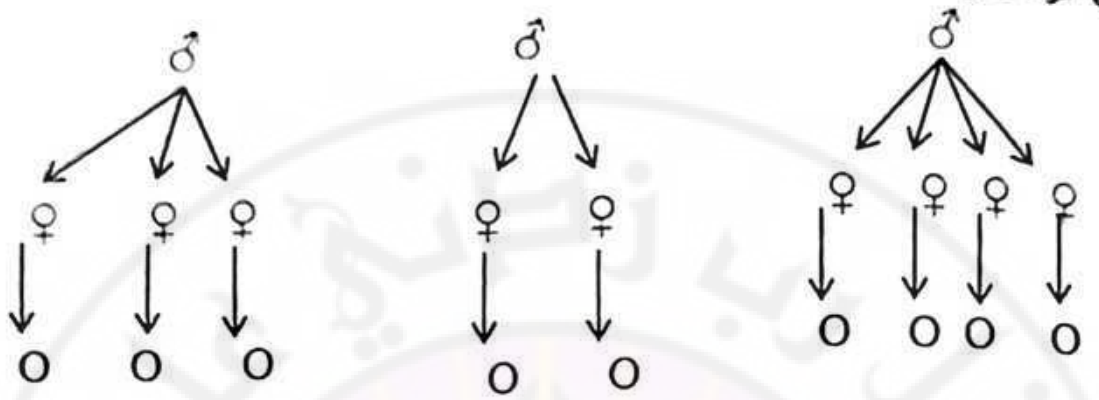
Scanned with ACE Scanner

تشكيلة الأخوة أنصاف أشقاء :

♂ الذكور (الأب)

♀ الإناث (الأم)

o أفراد النسل



مخطط (٤-١) تشكيلة مواد الدراسة لتحليل الأخوة الأشقاء وأنصاف الأشقاء

وتعبر μ عن القيمة المتوسطة للصفة في العشيرة المدروسة تحت الظـــروف البيئية المفترضة .

g_{vi} الأثر الوراثي للأب i

g_{mij} الأثر الوراثي للأم j الملقحة من الأب i

$z_{v\,ijk}$ الأثر العشوائي للفرد k الناتج عن الأب i

$z_{M\,ijk}$ الأثر العشوائي للفرد kl الناتج عن الأم j

} اختلافات وراثية بين أفراد النسل تسبب انحرافات عن القيمة المتوسطة

u_{ijk} العوامل البيئية للفرد k .

i = ١ ..... v عدد الآباء .

j = ١ .....mi عدد الأمهات داخل الأب i .

K = ١ ..... nij عدد قيم القياس في الجيل الثاني ، عدد الأبناء من الأب i

وهذا الشكل يتناسب مع النموذج التالي لتحليل التباين

$$X_{ijk} = \mu + a_i + b_{ij} + e_{ijk} \qquad (١٢-٤)$$

Scanned with ACE Scanner

ويستخدم هذا النموذج فقط عند توافر التلقيح العشـــوائي فـــي العشـــيرة لضمان استقلالية القيم في الجانب الأيمن من الشكل . بالمقارنة بـــين الشـــكلين (٤-١١) و (٤-١٢) يمكن التعبير بالشكل التالي :

$$a_i = 1/2\ g_{vi} \qquad (٤-١٣)$$

$$b_{ij} = 1/2\ g_{mij} \qquad (٤-١٤)$$

$$e_{ijk} = zv_{ijk} + ZM_{ijk} + \mu_{ijk} \qquad (٤-١٥)$$

وبناء عليه نستنتج مكونات التباين :

$\sigma^2 a = 1/4\ \sigma^2 g$ التغاير بين الأخوة أنصاف أشقاء (مـــن نفس الأب) (٤-١٦)

$\sigma^2 b = 1/4\ \sigma^2 g$ التغاير بين الأخوة أنصاف أشقاء (مـــن نفس الأم) (٤-١٧)

$\sigma^2 e = 1/2\ \sigma^2 g + \sigma^2\mu$ التغاير داخل مجموعة الأخوة (٤-١٨)

$$\sigma^2 x = \sigma^2 a + \sigma^2 b + \sigma^2 e = \sigma^2 g + \sigma^2\mu \qquad (٤-١٩)$$

وتظهر هذه الحالة الخاصة لهذا التحليل عندما يتوافر من كل أم ابن واحد ، إذ لا يمكن في هذه الحالة فصل مكونة التباين (الأم) من مكونـــة التبـــاين (المتبقي) ويزول الدليل k من الشكل (٤-١١) ، وبناء علـــى ذلـــك ينـــتج النموذج التالي :

$$X_{ij} = \mu + \frac{1}{2} g_{vi} + \frac{1}{2} g_{Mij} + Z_{vij} + Z_{Mij} + \mu_{ij} \qquad (٤-٢٠)$$

الذي يناسب تحليل التباين البسيط (أحادي الرتبة) التالي :

$$X_{ij} = \mu + a_i + e_{ij} \qquad (٤-٢١)$$

Scanned with ACE Scanner

أما التفسير الوراثي لمكونات التباين $\sigma^2 a$ $\sigma^2 e$ ينتج من :

$$a_i = \frac{1}{2} g_{vi} \qquad (٢٢-٤)$$

$$e_{ij} = \frac{1}{2} g_{Mij} + Z_{v\,ij} + Z_{m\,ij} + u_{ij} \qquad (٢٣-٤)$$

وبناء عليه فإن :

$$\sigma^2 a = 1/4\, \sigma^2 g \qquad (٢٤-٤)$$

$$\sigma^2 e = 3/4\, \sigma^2 g + \sigma^2 \mu \qquad (٢٥-٤)$$

$$\sigma^2 x = \sigma^2 a + \sigma^2 e = \sigma^2 g + \sigma^2 \mu \qquad (٢٦-٤)$$

بناءً على ما تقدم تستخدم الطرائق التالية لتقدير المكافئ الوراثي والتي تقوم على تحليل التباين بين الأخوة الأشقاء أو أنصاف الأشقاء :

أ- تحليل الأخوة الأشقاء وأنصاف الأشقاء :

$$1-\ h^2_{vG1} = 4\, S^2_a \,/\, S^2_a + S^2_b + S^2_e \qquad (٢٧-٤)$$

$$2-\ h^2_{vG2} = 4\, S^2_b \,/\, S^2_a + S^2_b + S^2_e \qquad (٢٨-٤)$$

$$3-\ h^2_{vG3} = 4(S^2_a + S^2_b) \,/\, S^2_a + S^2_b + S^2_e \qquad (٢٩-٤)$$

ب- تحليل الأخوة أنصاف الأشقاء :

$$h^2_{Hg} = 4\, S^2_a \,/\, S^2_a + S^2_e \qquad (٣٠-٤)$$

فالتقدير في الطريقة الأولى محسوب من مكونة (تباين الأب) وفي الثانية من مكونة (تباين الأم) بينما في الطريقة الثالثة مقدر بين تباين الأب والأم .

Scanned with ACE Scanner

أما تباين تقديرات المكافئ الوراثي المذكورة فحسابها يتم وفق الأشـكال التالية المناسبة للطرائق المذكورة :

أ- الأخوة الأشقاء :

$$1-\ \sigma^2 h^2_{vg1} =$$

$$32 / n^2 m^2 [m(n-1) / v (1- 1/2 h^2)^2 (1/4 h^2)^2 + (1 + (n-2) 1/4 h^2)^2 (1 + (n-1) 1/4 h^2)^2 (m-1) v + (1+ (nm+ n-2) 1/4 h^2)^2 (1- 1/4h^2)^2] \qquad (٣١-٤)$$

$$2-\ \sigma^2 h^2_{vg2} =$$

$$32 [(1- 1/2 h2)2 (1+(n-1) 1/4 h^2) 2] / v\ mn\ 2 (n-1) + [(1 +(n-2) 1/4 h2) 2 m - (m-1) 1/4 h^2) 2] / [v\ n2\ m2\ (m-1)\ ]+[(1+ (nm+ n-2) 1/4 h2) 2 (1/4h2) 2] / [n2\ m2\ (v-1)\ ] \qquad (٣٢-٤)$$

$$3-\ \sigma 2\ h2\ vg\ 3 =$$

$$8 [(1- 1/2 h2) [(1+(n-1) 1/2 h 2) 2 +(1+(n-2) 1/4 h2)2 (m-1)] / (v\ m2n2) + [(1 + (nm + n- 2) 1/4 h2) 2] / (v\ -1\ m2\ n2) \qquad (٣٣-٤)$$

ب- الأخوة أنصاف الأشقاء :

$$\sigma^2 h^2 hg =$$

$$32 (1 - 1/4 h^2)^2 (1 + (m-1) 1/4 h^2)^2 / m^2 v \qquad (٣٤-٤)$$

Scanned with ACE Scanner

إن هذه الأشكال طورت على أنها أشكال تقريبية للحالة المتوازنة والتي يلقح فيها الأب عدداً متساوياً من الأمهات (m) وينتج عن هذا التلقيح عدد (n) من الأفراد وتستخدم أيضاً إذا لم يتجاوز انحراف mi و n ij كل عن متوسط قيمتها بشكل لا يتجاوز الـ ٢٠ % وفي هذه الحال تحسب القيمة المتوسطة لكل من m و n وتوضع في مكانها في الأشكال .

ويبين كل من الجدولين (٤-١) و (٤-٢) نماذجاً لتحليل التباين في حال الأخوة الأشقاء وأنصاف الأشقاء .

مصادر التباين	SQ	fG	MQ	E (MQ)
بين الآباء	$SQv = \Sigma i^{v} (xi^{2} / ni) - (x^{2} / N)$	V - 1	$\frac{SQv}{(v-1)}$	$\sigma^2 e + \lambda 1 \sigma^2 b + \lambda 2 \sigma^2 a$
بين الأمهات داخل الآباء	$SQ \min v = \Sigma i^{v} . \Sigma j^{m} (xij^{2} / nij) - \Sigma i^{v} xi^{2} / ni$	m - v	$\frac{SQ \min v}{m - v}$	$\sigma^2 e + \lambda 3 \sigma^2 b$
داخل الأمهات (المتبقي)	$SQr = \Sigma i^{v} \Sigma j^{mi} \Sigma i^{nij} xijk^{2} - \Sigma i^{v} \Sigma j^{mi} (x_{ij}^{2} / N)$	N -m	$\frac{SQr}{N - m}$	$\sigma^2 e$

جدول (٤-١) تحليل التباين النموذج II ثنائي الترتيب

(Nij = n ; mi = m) gilt $\lambda 1 = n , \lambda 2 = mn , \lambda 3 = n .$

$$\lambda 1 = 1 / (v - 1) \Sigma i^{v} \Sigma j^{mi} n^{2}_{ij} [(1 / n_i) - (1 / n)] .$$

$$\lambda 2 = 1 / (v - 1) [n - (1 / n) . \Sigma i^{v} n^{2}_{i}]$$

$$\lambda 2 = 1 / (m - v) [n - \Sigma i^{v} (n^{2}_{ij} n_i)$$

Scanned with ACE Scanner

مصادر التباين	SQ	fG	MQ	E (MQ)
بين الآباء	$SQv = \Sigma i^{v} (xi^{2} / mi) - (x^{2} / N)$	V - 1	$\frac{SQv}{(v-1)}$	$\sigma^2 e + \lambda 1 \sigma^2 a$
داخل الآباء (المتبقي)	$SQr = \Sigma i^{v} \Sigma j^{mi} \Sigma i - \Sigma i^{v} (x_i^{2} / mi)$	m - v	$\frac{SQr}{m-v}$	$\sigma^2 e$

جدول (٤-٢) لتحليل التباين البسيط نموذج II أحادي الترتيب :

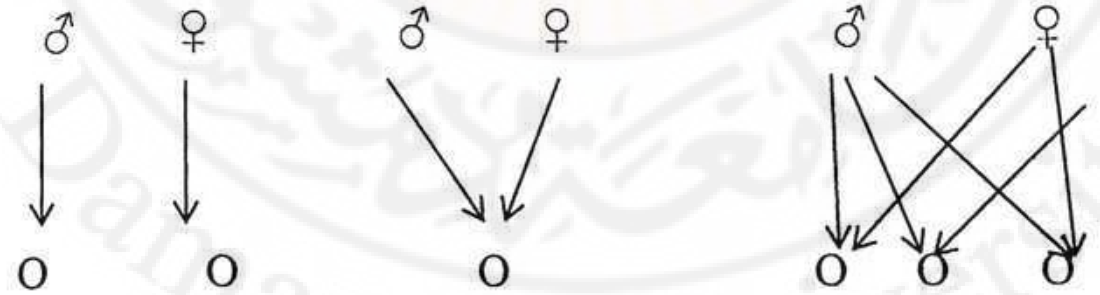
ونبين في الجزء العملي لهذا المقرر مثالاً حول كيفيـة تقـدير المكـافئ الوراثي باستخدام هذين النموذجين من الجداول لتحليل التباين .

٤-٢-١-١-٢ تحليل العلاقة بين الأهل والنسل :

تقوم طرائق تقدير المكافئ الوراثي التي تستغل التشابه بين الأهل والنسل على تحليل الانحدار والارتباط . وتعدّ العلاقات التالية ذات أهمية خاصة فـي هذه الدراسة :

- العلاقة بين أب واحد وفرد واحد من النسل المخطط (٤ – ٢).
- العلاقة بين متوسط الأهل وفرد واحد من النسل المخطط (٤- ٢).
- العلاقة بين الأهل ومتوسط مجموعات الأخوة المخطط (٤- ٢).

في المخطط (٢ – ٤) يشرح هيكلية وبناء مواد الدراسـة حسـب العلاقـات المذكورة



مخطط (٤-٢) هيكلية مواد الدراسة لانحدار أهل – نسل (♀ ♂ الأهل و O النسل)

Scanned with ACE Scanner

- الطريقة الأولى انحدار أحد أفراد النسل (X_{Ni}) على أب واحد (X_{Ei}) . إذ يشكل الانحدار الخطي البسيط (نموذج II) أساساً لتقدير الـ h^2 مع نموذج المعادلة التالي :

$$X_{ni} = \alpha + \beta X_{Ei} + e_i \; (i = 1 \; \ldots\ldots, N)$$

وتستخدم هذه الطريقة أيضاً عندما يكون الأهل منتخبين ، ولكن أفراد النسل يجب أن تكون غير منتخبة .

إن انحدار فرد من النسل على أب واحد هو عبارة عن المقدار الناتج من التباين المشترك بين الأهل والنسل وتباين الأهل .

$$\beta_{NE} = cov\,(E.N) / \sigma^2 p = \qquad (٣٥-٤)$$

$$= [\, \Sigma_{i=1}^{n} X_{Ei} X_{Ni} - (\Sigma_{i=1}^{n} X_{Ei} \; \Sigma_{i=1}^{n} N_i) / N] / \Sigma_{i=1}^{n} X^2_{Ei} - [(\Sigma_{i=1}^{n} X_{Ei})^2 / N]$$

$$= [\, 1/2\, \sigma^2 ga + 1/4\, \sigma^2 \, (ga)(ga) \,] / \sigma^2 p = 1/2 \; h^2$$

ومنه ينتج أن $h^2 = 2\, \beta_{NE}$

وتبلغ قيمته تباين الـ h^2 حسب هذه الطريقة :

$$\sigma^2 h_1^{\,2} = (4 - h^4) / (n-1) \qquad (٣٦-٤)$$

إن الأشكال المذكورة تصلح لكل حالات هذه العلاقة أي :

أب – ابن	أم – ابن
أب – ابنة	أم – ابنة

Scanned with ACE Scanner

هذه الطريقة تؤدي إلى تقدير جيد للمكافئ الوراثي بـــالمعنى الضـــيق ، وذلك لأن التباين المشترك يحتوي بالإضافة إلى نصف التباين الوراثي التجمعي فقط على جزء من التباين التفوقي الناتج عن الآثار التجمعية X الآثار التجمعية.

لو افترضنا أن الانحراف المعياري المظهري لا يتغير بين الأهل والنسل ، يبلغ عندئذ معامل الارتباط بين الأهل والنسل :

$$Q\,N.E = \mathrm{cov}(E.N) / \sigma p \,.\, \sigma p = \mathrm{cov}(E.N) / \sigma^2 p = \beta\, NE \qquad (٣٧-٤)$$

وهذا يؤدي إلى أن قيمته تبلغ أيضاً نصف المكافئ الوراثي ($1/2\, h^2$).

في الصفات غير المحددة بالجنس تتوافر عادة قيم للصـــفات مـــن كـــلا الأبوين ويستخدم هنا معامل انحدار النسل علـــى متوســـط الأهـــل (β NE) لاستنتاج القيمة التقديرية للمكافئ الوراثي h^2 .

وتشير التشكيلة (٢) لمواد الدراسة في المخطط لانحدار النسل (X_{NI}) على متوسط الأهل أي :

$$X_{Ei} = (X_{vi} + X_{Mi}) / 2 \qquad (٣٨-٤)$$

إذ X_{vi} أو X_{Mi} هي قيمة الصفة عند الأب أو عنـــد الأم وإذا كـــان للصفات نفس التباين $\sigma^2 p$ عند كلا الأبوين يبلغ عندئذ التباين لمتوسط الأهـــل $1/2\, \sigma 2\, p$ ، وبناء عليه يكون معامل الانحدار :

$$\beta_{NE} = \mathrm{cov}(N.E) / \ 1/2\ \sigma^2 p = $$
$$= [\ 1/2\, \sigma^2 ga + 1/4\, \sigma^2 (ga)(ga)\ ] / \ 1/2\, \sigma^2 p =$$
$$\beta_{NE} = h^2 \qquad (٣٩-٤)$$

Scanned with ACE Scanner

وتباين المكافئ الوراثي يبلغ في هذه الحالة:

$$\sigma^2 h^2_2 = (2 - h^4) / (n - 1) \qquad (٤٠ - ٤)$$

الأشكال الرياضية المذكورة تستخدم لتشكيلة المواد (٢) أي في الحالات .

- متوسط الأهل – ابن
- متوسط الأهل – ابنة

بالنسبة للحالة الثالثة والموضحة في التشكيلة (٣) من المخطط (٤ -٢) نميز بين حالتين :

١- انحدار متوسط النسل على أب واحد .

٢- انحدار متوسط النسل على متوسط الأهل .

فبالنسبة للحالة الأولى يطابق معامل الانحدار بين أب واحد وفرد واحد . لأنهما يملكان في بسط شكلهم الرياضي التباين المشترك وفي المقام التباين $\sigma 2$ p وبالتالي فإن :

$$\beta_{NE} = \beta_{\overline{NE}} = 1/2\, h^2 \qquad (٤١-٤)$$

بينما تطابق الحالة الثانية الشكل (٣٩ – ٤) أي يتساوى معامل الانحدار مع قيمة المكافئ الوراثي .

بالنسبة لتباين المكافئ الوراثي في الحالة الأولى يبلغ :

$$\sigma^2 h^2_{3(1)} = 4 [(1 - h^2/2) (1 + n h^2 / 2)] n(N-1) \qquad (٤٢-٤)$$

في الحالة الثانية :

$$\sigma^2 h^2_{3(2)} = 2 [[(1 + (n-1) h^2] - (n/2\ h^4)] / n (N-1) \qquad (٤٣-٤)$$

وهنا تشير N إلى عدد الأهل .

Scanned with ACE Scanner

٤-٢-١-٢ تقدير المكافئ الوراثي بعد الانتخاب

في هذا الأسلوب يستغل أيضاً التشابه الكبير بين الأفراد الأقارب (الأخوة أو الأهل والنسل) . وعلى عكس الطرائق الأخرى لتقدير h^2 يتعلق الموضوع هنا بنموذج خاص جداً إذ يشترط له استقلالية المكافئ الوراثي المحقق (h^2r) عن الشدّات الانتخابية المستخدمة في الانتخاب .

سنعالج أولاً تحديد الـ h^2 من خلال تشابه الأهل والنسل وفي حالة عامة تقتضي ظهور الصفة X (الوزن الحي مثلاً) عند كلا الأبوين . بهذا يمكن تسجيل فارق انتخابي عند الأهل ($d_N + d_M$) . ومع افتراض حالة التلقيح العشوائي للأهل نحصل على النجاح الانتخابي (ΔG) في النسل . ومنه تنتج قيمة الـ (h^2r_{EN}) كالتالي :

$$h^2r_{EN} = 2\,\Delta G / (d_v + d_M) \qquad (٤٤-٤)$$

إن ΔG تمثل متوسط التقدم الوراثي للنسل ويبلغ مقداره

$$\Delta G = 1/2\,(\Delta G♂ + \Delta G♀)$$

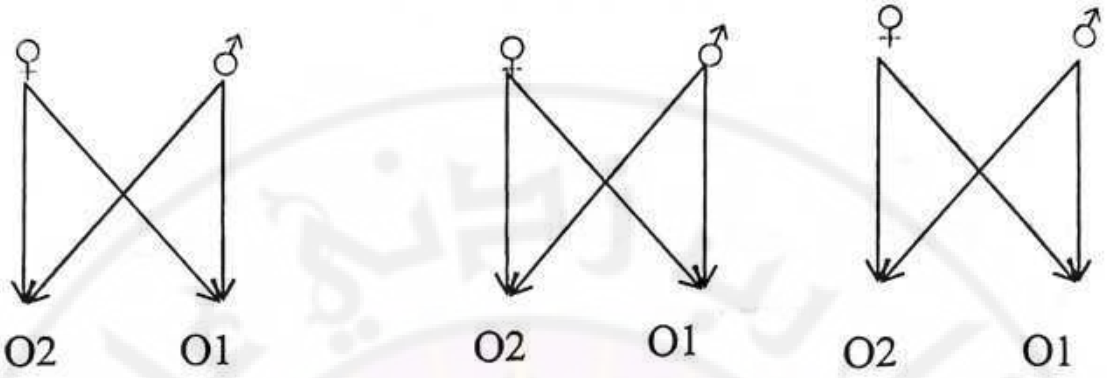
وذلك في حال أمكن تسجيل الصفة عند الجنسين ، و إلا تصبح قيمته

$$\Delta G = \Delta G♂ \text{ أو } \Delta G♀$$

إن الشكل (٤ – ٤٤) يصلح أيضاً للصفات المحددة بالجنس (كإنتاج الحليب) ؛ إلا أنه وتحت هذا الافتراض تصبح قيمة الفارق الانتخابي للأب الآخر تساوي الصفر . إن القيمة التقديرية للمكافئ الوراثي المحقق تنتج عن تقدير كل من الفارق الانتخابي والنجاح الانتخابي .

Scanned with ACE Scanner

من جهة أخرى يمكن تقدير النجاح الانتخابي في الأخوة الأشقاء أو أنصاف الأشقاء حسب المخطط (٣ – ٤) الذي يبين تشكيلة مواد الدراسة .



مخطط (٤-٣) تشكيلة مواد الدراسة لانتخاب الأخوة الأشقاء
(الأهل ♀ ♂ – النسل O – رقم أفراد النسل ١ و ٢)

عند توافر مثل هذه التشكيلة لمواد الدراسة إذ ترتب أفراد النسل عشوائياً يمكن لنا كشف الفارق الانتخابي في النسل رقم (١) ثم نحصل على النجاح الانتخابي المتعلق به من النسل رقم (٢) بناءاً على أفراد النسل المنتخبة رقم (١) .

$$h^2{}_{rv}G = 2\Delta G / d \qquad (٤٥-٤)$$

وبطريقة مماثلة نحصل على h2 rHG من الأخوة أنصاف أشقاء :

$$h^2{}_{r}HG = 4\Delta G / d \qquad (٤٦-٤)$$

هناك طرائق أخرى لتقدير المكافئ الوراثي مثل طريقة التوائم ومعامل التكرار يمكن للمهتم أن يتابعها في الكتب المتخصصة .

Scanned with ACE Scanner

٤-٣ الارتباط الوراثي Genetic correlation:

يشير الارتباط الوراثي إلى العلاقات الوراثية بين الصفات المختلفة للحيوان ، إذ تعمل هذه العلاقة على إحداث تغييرات قليلة أو كثيرة في صفات غير الصفة الانتخابية . وبناء على ذلك يجب أن ينظر إلى الحيوان كوحدة واحدة ، فالارتباط الوراثي يؤدي إلى تغيير في الصفات المرتبطة عند تغيير الصفة الانتخابية . فإذا كان هذا الارتباط إيجابياً ، كان التغيير في الصفات المرتبطة بنفس الاتجاه وإذا كان الارتباط سلبياً . تغيرت الصفات بالاتجاه المعاكس . أما مقدار هذا التغيير ، فهو يتعلق بما يسمى شدة الارتباط . إن المجال الذي يتحرك فيه الارتباط الوراثي يقع بين / -١ أو - ١٠٠ % و + ١ أو + ١٠٠ % / . أما قيمة الصفر فتدل على استقلالية الصفات عن بعضها البعض . وهذا ينطبق على القيم المتدنية للارتباط أيضاً .

يعدّ الارتباط الوراثي من أهم المقاييس الوراثية للعشيرة إلى جانب المكافئ الوراثي h^2 ، ولذلك يعدّ التحسين الوراثي فعالاً فقط عندما يأخذ بالحسبان في عمليات الانتخاب . في جانب آخر من إذ أهمية الارتباط الوراثي للتحسين الوراثي هناك بعض الصفات تظهر بعمر متأخر على عينة الاختبار ، أو قد لا تظهر إطلاقاً ، إذا كانت من الصفات المحددة بالجنس ، لذلك يبحث المربي عن صفات مساعدة ، كمعايير لانتخاب مبكر . إن قيمة وصلاحية هذه الصفات المساعدة يحددها ارتباطها الوراثي مع الصفة الإنتاجية المراد تحسينها.

Scanned with ACE Scanner

إن الأسباب البيولوجية للارتباط الوراثي تكمن في ظاهرة التأثير المتعدد للمورثة poleiotropie و / أو المسافة الصبغية القليلة بين المورثات الواقعة على نفس الصبغي .

إن الارتباط المظهري بين الصفات يقوم على العوامل الوراثية المشتركة و على المؤثرات البيئية المشتركة ، وهو بالنسبة للتحسين الوراثي ذو أهمية أقل من الارتباط الوراثي .

يعرف الارتباط الوراثي بين الصفتين (X , Y) رياضياً على أنه :

$$Q_{gxy} = \sigma xy / \sigma x \cdot \sigma y \qquad (٤٧-٤)$$

إذ ترمز σxy إلى التباين المشترك للصفتين X و Y

و ترمز σx إلى الانحراف المعياري الوراثي للصفة X

وترمز σy إلى الانحراف المعياري الوراثي للصفة Y

ويجدر هنا أن نذكر أن الانحراف المعياري الوراثي هو الجذر التربيعي للتباين الوراثي ، فلتقدير الارتباط الوراثي يجب الكشف عن التباين الوراثي والتباين المشترك للصفات ، وهذا ممكن سواء من خلال تحليل الارتباط أو من خلال تحليل التباين والتباين المشترك .

٤-٣-١ تقدير معامل الارتباط الوراثي من خلال تحليل الارتباط أو الانحدار :

إن تشكيلة المعطيات الموضحة في المخطط (٤-٢) لتقدير المكافئ الوراثي يمكن استغلالها أيضاً لتقدير الارتباط الوراثي من خلال الانحدار بين الأهل والنسل ، وذلك إذا تم قياس كل من الصفتين X و Y على كل حيوان ،

Scanned with ACE Scanner

وتتوزع قيم القياس بالنسبة للمخطط المذكور في التشكيلة (١ ، ٢) عند الأهل والنسل بالشكل التالي :

الأهل (١) XEI ؛ (٢) YEI

النسل (٣) XNI ؛ (٤) YNI

وتقدر من هذه التشكيلة الأشكال الأربعة التالية للتباين المشترك :

$$c\hat{O}v(XEi\ XNi) = \frac{1}{(n-1)}\left[\left(\Sigma_{i=1}^{N} XEi\ XNi\right) - \left[\left(\Sigma_{i=1}^{N} XEi\right)\left(\Sigma_{i=1}^{N} XNi\right)\right] / N\right] \quad (٤٨-٤)$$

$$c\hat{O}v(XEI\ i\ YNi) = \frac{1}{(n-1)}\left[\left(\Sigma_{i=1}^{N} XEi\ YNi\right) \left[\left(\Sigma_{i=1}^{N} XEi\right)\left(\Sigma_{i=1}^{N} YNi\right)\right] / N\right] \quad (٤٩-٤)$$

$$c\hat{O}v(YE\ i\ YNi) = \frac{1}{(n-1)}\left[\left(\Sigma_{i=1}^{N} YE\ i\ YNi\right) - \left[\left(\Sigma_{i=1}^{N} YE\ i\right)\left(\Sigma_{i=1}^{N} YNi\right)\right] / N\right] \quad (٥٠-٤)$$

$$c\hat{O}v(YE\ i\ XNi) = \frac{1}{(n-1)}\left[\left(\Sigma_{i=1}^{N} YE\ i\ XNi\right) - \left[\left(\Sigma_{i=1}^{N} YE\ i\right)\left(\Sigma_{i=1}^{N} XNi\right)\right] / N\right] \quad (٥١-٤)$$

وبالعودة إلى Stahl وآخرين (١٩٦٩) فإن الأشكال المذكورة تبلغ القيم التالية:

$$cov(X_{Ei}\ Y_{Ni}) = cov(Y_{E\,i}\ X_{Ni}) = 1/2\ \sigma g\ xy \quad (٥٢-٤)$$

$$cov(X_{Ei}\ X_{Ni}) = 1/2\ \sigma^2\ gx \quad (٥٣-٤)$$

Scanned with ACE Scanner

$$\text{cov}\,(Y_{Ei}\ Y_{Ni}) = 1/2\,\sigma^2 gy \qquad (٥٤-٤)$$

وبناء على ذلك يمكن استنتاج أربع طرائق لتقدير الارتباط الوراثي بين الصفتين X و Y :

$$1\text{-}\ Q_{gxy} = \frac{}{c\hat{O}v\,(XEi\ YNi)\,/\,\sqrt{c\hat{O}v\,(XEi\ XNi)\,c\hat{O}v\,(YE\,i\ YNi)}} \qquad (٥٥-٤)$$

$$2\text{-}\ Q_{gxy} = \frac{}{c\hat{O}v\,(YE\,i\ XNi)\,/\,\sqrt{c\hat{O}v\,(XEi\ XNi)\,c\hat{O}v\,(YE\,i\ YNi)}} \qquad (٥٦-٤)$$

$$3\text{-}\ Q_{gxy} = \frac{1/2\,c\hat{O}v\,(XEi\ YNi) + c\hat{O}v(YE\,i\ XNi)}{\sqrt{c\hat{O}v\,(XEi\ XNi)\ c\hat{O}v\,(YE\,i\ YNi)}} \qquad (٥٧-٤)$$

$$4\text{-}\ Q_{gxy} = \frac{c\hat{O}v\,(XEi\ YNi).\,c\hat{O}v\,(YEi\ XNi)}{c\hat{O}v\,(XEi\ XNi)\,c\hat{O}v\,(YEi\ YNi)} \qquad (٥٨-٤)$$

أما الأشكال التقريبية لتباين الارتباط الوراثي المقدر فهي كالتالي :

$$\sigma^2 rg\,(1) =$$

$$Q^2g\,/\,(n\text{-}1)\,[\,(\sigma^2 1\,\sigma^2 4\,/\,\sigma^2 1\,4) + (\sigma^2\ 1\,\sigma^2 3\,/\,4\,\sigma^2 1\,3) +$$

$$(\,\sigma^2 2\,\sigma^2 4\,/\,4\,\sigma^2 2\,4) - (\sigma^2 1\,\sigma 34\,/\,\sigma 14\,\sigma 13) -$$

$$(\sigma 12\,\sigma 4/\,\sigma 14\,\sigma 24) + (\,\sigma 12\,\sigma 34 + \sigma 14\,\sigma 23\,)\,/\,2\,\sigma 13\,\sigma 24 - (\,1/2\,)$$

Scanned with ACE Scanner

$$\sigma^2 rg(2) = Q^2g/(n-1)\,[(\sigma^2 2\,\sigma^2 3/\sigma^2 23)+(\sigma^2 1\,\sigma^2 3/4\,\sigma^2 13)+ +(\sigma^2 2\,\sigma^2 4/4\,\sigma^2 24)-(\sigma 12\,\sigma 3/\sigma 23\,\sigma 13)-(\sigma^2 2\,\sigma 34/\sigma 23\,\sigma 24)+ +(\sigma 12\,\sigma 34+\sigma 14\,\sigma 23)/2\,\sigma 13\,\sigma 24-(1/2)$$

(٥٩-٤)

(٦٠-٤)

$$\sigma^2 rg(3)(4) = Q^2g/4(n-1)\,[(\sigma^2 1\,\sigma 4/\sigma^2 14)+(\sigma^2 2\,\sigma^2 3/\sigma^2 23)+ +(\sigma^2 1\,\sigma^2 3/\sigma^2 13)+(\sigma^2 2\,\sigma 4/\sigma 24)+ 2(\sigma 12\,\sigma 34/\sigma 14\,\sigma 23)+2(\sigma 13\,\sigma 24/\sigma 14\,\sigma 23)]- (2\,\sigma^2 1\,\sigma 34/\sigma 14\,\sigma 13)-(2\,\sigma 12\,\sigma^2 4/\sigma 14\,\sigma 24)- (2\,\sigma 12\,\sigma^2 3/\sigma 23\,\sigma 13)-(2\,\sigma^2 2\,\sigma 34/\sigma 23\,\sigma 24)+ (2\,\sigma 12\,\sigma 34/\sigma 13\,\sigma 24)+(2\,\sigma 14\,\sigma 23/\sigma 13\,\sigma 24)-4$$

(٦١-٤)

٤-٣-٢ تقدير الارتباط الوراثي بواسطة تحليل التباين والتبـاين المشـترك للأخوة :

لتقدير الارتباط الوراثي بمساعدة تحليل الأخوة الأشـقاء أو الأنصـاف الأشقاء يجب أولاً تقدير مكونات التباين للصفتين x و Y، وذلك حسب الجداول (٤-١) و (٤-٢) في فقرة تقدير المكافئ الوراثي .

أما التباين المشترك الوراثي فيتم تقديره بالمبدأ نفسه وذلك حسب الجداول (٤-٣) (٤ - ٤)

Scanned with ACE Scanner

مصادر التباين	SP	FG	MP	E (MP)
بين الآباء	$Sp_v = \sum_{i=1}^{v} \frac{yi..xi}{ni} - \frac{y...x}{N}$	v – 1	$\frac{spv}{v-1}$	$Cov_e + \lambda_1 cov_b + \lambda_2 cov_a$
بين الأمهات داخل الآباء	$Sp_{min\ v} = \sum_{i=1}^{v}\sum_{j=1}^{mi} \frac{yij..xij}{nij} - \sum_{i=1}^{v} \frac{yi..xi}{ni}$	m. – v	$\frac{S_{pmin\ v}}{m.-v}$	$Cov_e + \lambda_3 cov_b$
بين الأمهات (المتبقي)	$SP_R = \sum_{i=1}^{v}\sum_{j=1}^{mi}\sum_{k=1}^{nij} yijkxijk - \sum_{i=1}^{v}\sum_{j=1}^{mi} \frac{yijxij}{ni}$	N– m.	$\frac{SP_R}{N-m}$	Cov_e

جدول (٣ – ٤) جدول التباين المشترك في الأخوة الأشقاء .

مصادر التباين	SP	FG	MP	E (MP)
بين الاباء	$Sp_v = \sum_{i=1}^{v} \frac{yi..xi}{mi} - \frac{y...x}{N}$	v – 1	$\frac{spv}{v-1}$	$Cov_e + \lambda_1 cov_a$
داخل الآباء (المتبقي)	$sp_R = \sum_{i=1}^{v}\sum_{j=1}^{mi} y_{ij}x_{ij} - \sum_{i=1}^{v} \frac{yi...xi}{mi}$	m. – v	$\frac{SP_R}{m.-v}$	Cov_e

جدول (٤ – ٤) التباين المشترك للتصنيف البسيط

طرائق التقدير :

١ – الأخوة الأشقاء (VG)

$$r_{gvG1} = cov\,a / \sqrt{S^2_{xa}\, S^2_{ya}} \qquad (٤-٦٢)$$

$$r_{gvG2} = cov\,b / \sqrt{S^2_{xb}\, S^2_{yb}} \qquad (٤-٦٣)$$

Scanned with ACE Scanner

$$r_{GvG3} = cov\hat{a} / \sqrt{(S^2_{xa} + S^2_{xb})(S^2_{ya} + S^2_{yb})} \qquad (٦٤-٤)$$

٢- الأخوة أنصاف أشقاء (HG) :

$$r_{ghG} = cov\hat{a} / \sqrt{S^2_{xa} S^2_{ya}} \qquad (٦٥-٤)$$

أما تباين الارتباط الوراثي للأشكال المذكورة فهو :

$$S^2 rg = (1 - r^2 g)^2 / \sqrt{2 h^2 x h^2 y S^2 h^2 x . S^2 h^2 y} \qquad (٦٦-٤)$$

٤ - ٤ معامل التكرار Repeatability :

إن كثيراً من صفات الحيوان تتكرر خلال حياته مثل إنتاج الحليب في مواسم عديدة ، وإنتاج الصوف عند الأغنام ، وإنتاج البيض عند الدجاج الخ .. ويكون من المهم بالنسبة للمربي معرفة العلاقة بين إنتاجين محددين . فالجزء الخطي لهذه العلاقة موجود في الارتباط المظهري ويسمى بمعامل التكرار ($W^2 ij$) .

$$W^2 ij = cov(Xi,Xj) / \sqrt{\sigma^2 x_i \sigma^2 x_j} \qquad (٦٧-٤)$$

فمعامل التكرار يعدّ ضرورياً للتنبؤ عن الإنتاج المتأخر، أو التالي لصفة اقتصادية ما انطلاقاً من الإنتاج الحالي لهذه الصفة ، أو بمعنى آخر لتحديد النجاح الانتخابي الممكن فيما بعد في هذه الصفة . ويشترط أن تكون العلاقة بين قيم الإنتاج خطية إذ يصلح عندئذ الشكل التالي :

$$b_{ij} = cov(X_i,X_j) / \sigma^2 X_i = w^2 ij (\sigma X_j / \sigma X_i) \qquad (٦٨-٤)$$

Scanned with ACE Scanner

إذ تشير Xi إلى الإنتاج المبكر و Xj إلى الإنتاج المتأخر . ويشير الشكل (٦٨ - ٤) إلى تطابق معامل التكرار ومعامل الانحدار إذا تساوى تباين كل من Xi و Xj . تشير نتائج الدراسات المختلفة بشكل عام إلى أن معامل التكرار بين نتائج لقياسات قريبة من بعضها البعض أكبر من تلك المأخوذة بين قياسات بعيدة عن بعضها ، فمثلاً يكون W2 بين الموسم الأول والثاني أكبر من W2 بين الموسم الأول والثالث . في حال وجود أكثر من سجلين للحيوان يحسب معامل التكرار من خلال تحليل التباين ، وغالباً ما تؤخذ في مثل هذا التحليل كل النتائج المتوافرة إذ تحسب MQ لـ بين الحيوانات و MQ داخل الحيوانات حسب الجدول (٤-٢) إن مكونات التباين $\sigma^2 a$ و $\sigma^2 e$ تحسب من الجدول وتوضع في الشكل التالي :

$$\hat{W}2\,ij = \sigma^2 a / (\sigma^2 a + \sigma^2 e) \qquad (٤-٦٩)$$

في المراجع العلمية المختصة يتم التنويه إلى العلاقة بين الـ h^2 و Wij ، وقد أكدت هذه المراجع أن الـ W2 يعرض الحدود العليا لـ h^2 بالمعنى الواسع .

في مجال آخر أظهرت الدراسات الكثيرة على أنواع حيوانية كثيرة أن العلاقة بين الإنتاج الأول والإنتاج التالي ضعيفة . وبناءً على ذلك نستنتج عملياً أن قيم الإنتاج الأول تصلح بشكل أقل من قيم الإنتاج التالي ، لوصف القيمة التربوية لأحد الحيوانات . ولكن بالمقابل يؤدي الإنتاج التالي إلى إطالة فترة الجيل ؛ لذلك يجب على المربي في هذه المسائل الموازنة بين السلبيات والإيجابيات واتخاذ القرار الصائب .

Scanned with ACE Scanner

الفصل الخـــامـــس

اختبـــــــارات الإنتـــــــاج

٥ – ١ الأسس العامة لتنفيذ اختبارات الإنتاج .

٥ – ٢ وظائف ومهام اختبارات الإنتاج .

٥ – ٣ اختبار نتائج الأسلاف .

٥ – ٤ اختبار الإنتاج الذاتي .

٥ – ٤ – ١ توافر معلومة مباشرة من حيوان التربية .

٥ – ٤ – ٢ توافر معلومة غير مباشرة (صفة مساعدة) من حيوان التربية .

٥ – ٥ اختبار إنتاج الأخوة

Scanned with ACE Scanner

اختبـــــارات الإنتـــــاج

تعرف اختبارات الإنتاج من وجهة نظر التحسين الوراثي أنها أســاليب تسجيل القيم المظهرية لصفات معينة في حيوانات التربية وحيوانات الإنتــاج ، وذلك لتحقيق الأهداف التالية :

- تنفيذ التقويم الفردي لحيوانات التربية كأساس لتقدير القيمــة التربويــة والانتخاب .
- تقدير المقاييس التربوية الضرورية لخطط التربية ضمن إطار تحليــل العشيرة .
- تقويم نتائج أسلاف الحيوان في برامج تربية الخلط .
- تقويم اقتصادي وتقني لأساليب الإنتاج وتطوراتها في المحطات كأساس للقرارات والإرشادات العلمية .
- الحصول على معلومات أساسية لإقرار السياسات الزراعية .

٥-١ الأسس العامة لتنفيذ اختبارات الإنتاج :

تنفذ اختبارات الإنتاج في محطات خاصة بالاختبارات ، ويطلق عليهــا عندئذ مصطلح اختبارات المحطة ، كذلك في محطات إنتاجية وتوصــف هنــا بالاختبارات الحقلية . وتتميز اختبارات المحطة أنهــا تمكّـــن مــن توحيــد الظروف البيئية مثل التعليف والرعاية ، وهذا الأمر يؤدي إلى تحقيق قيم عالية للمكافئ الوراثي h^2 للصفات الإنتاجية ، وبالتالي الحصول على تقدير أدق للقيم

Scanned with ACE Scanner

وتتوزع قيم القياس بالنسبة للمخطط المذكور في التشكيلة (١ ، ٢) عند الأهل والنسل بالشكل التالي :

الأهل (١) XEI ؛ (٢) YEI

النسل (٣) XNI ؛ (٤) YNI

وتقدر من هذه التشكيلة الأشكال الأربعة التالية للتباين المشترك :

$$c\hat{O}v(XEi\ XNi) = \frac{1}{(n-1)}\left[\left(\Sigma_{i=1}^{N} XEi\ X\ Ni\right) - \left[\left(\Sigma_{i=1}^{N} XEi\right)\left(\Sigma_{i=1}^{N} XNi\right)\right] / N\right] \quad (٤٨-٤)$$

$$c\hat{O}v(XEI\ i\ YNi) = \frac{1}{(n-1)}\left[\left(\Sigma_{i=1}^{N} XEi\ YNi\right)\left[\left(\Sigma_{i=1}^{N} XEi\right)\left(\Sigma_{i=1}^{N} YNi\right)\right] / N\right] \quad (٤٩-٤)$$

$$c\hat{O}v(YE\ i\ YNi) = \frac{1}{(n-1)}\left[\left(\Sigma_{i=1}^{N} YE\ i\ YNi\right) - \left[\left(\Sigma_{i=1}^{N} YE\ i\right)\left(\Sigma_{i=1}^{N} YNi\right)\right] / N\right] \quad (٥٠-٤)$$

$$c\hat{O}v(YE\ i\ XNi) = \frac{1}{(n-1)}\left[\left(\Sigma_{i=1}^{N} YE\ i\ XNi\right) - \left[\left(\Sigma_{i=1}^{N} YE\ i\right)\left(\Sigma_{i=1}^{N} XNi\right)\right] / N\right] \quad (٥١-٤)$$

وبالعودة إلى Stahl وآخرين (١٩٦٩) فإن الأشكال المذكورة تبلغ القيم التالية:

$$cov(X_{Ei}\ Y_{Ni}) = cov(Y_{E\,i}\ X_{Ni}) = 1/2\ \sigma g\ xy \quad (٥٢-٤)$$

$$cov(X_{Ei}\ X_{Ni}) = 1/2\ \sigma^2\ gx \quad (٥٣-٤)$$

Scanned with ACE Scanner

$$\text{cov}\,(Y_{Ei}\ Y_{Ni}) = 1/2\,\sigma^2 gy \qquad (٥٤-٤)$$

وبناء على ذلك يمكن استنتاج أربع طرائق لتقدير الارتباط الوراثي بين الصفتين X و Y :

$$1\text{-}\ Q_{gxy} = \frac{\hat{cov}\,(XEi\ YNi)}{\sqrt{\hat{cov}\,(XEi\ XNi)\,\hat{cov}\,(YE\,i\ YNi)}} \qquad (٥٥-٤)$$

$$2\text{-}\ Q_{gxy} = \frac{\hat{cov}\,(YE\,i\ XNi)}{\sqrt{\hat{cov}\,(XEi\ XNi)\,\hat{cov}\,(YE\,i\ YNi)}} \qquad (٥٦-٤)$$

$$3\text{-}\ Q_{gxy} = \frac{1/2\,\hat{cov}\,(XEi\ YNi) + \hat{cov}(YE\,i\ XNi)}{\sqrt{\hat{cov}\,(XEi\ XNi)\ \hat{cov}\,(YE\,i\ YNi)}} \qquad (٥٧-٤)$$

$$4\text{-}\ Q_{gxy} = \frac{\hat{cov}\,(XEi\ YNi).\hat{cov}\,(YEi\ XNi)}{\hat{cov}\,(XEi\ XNi)\,\hat{cov}\,(YEi\ YNi)} \qquad (٥٨-٤)$$

أما الأشكال التقريبية لتباين الارتباط الوراثي المقدر فهي كالتالي :

$$\sigma^2 rg\,(1) =$$

$$Q^2 g / (n-1)\,[\,(\sigma^2 1\,\sigma^2 4 / \sigma^2 1\,4) + (\sigma^2\ 1\,\sigma^2 3 / 4\,\sigma^2 1\,3) +$$

$$(\sigma^2 2\,\sigma^2 4 / 4\,\sigma^2 2\,4) - (\sigma^2 1\,\sigma 34 / \sigma 14\,\sigma 13) -$$

$$(\sigma 12\,\sigma 4 / \sigma 14\,\sigma 24) + (\sigma 12\,\sigma 34 + \sigma 14\,\sigma 23) / 2\,\sigma 13\,\sigma 24 - (1/2)$$

Scanned with ACE Scanner

$$\sigma^2 rg(2) = \qquad (٤-٥٩)$$

$$Q^2g/(n-1)\,[(\sigma^2 2\,\sigma^2 3/\sigma^2 2\,3)+(\sigma^2 1\,\sigma^2 3/4\,\sigma^2 1\,3)+$$

$$+(\sigma^2 2\,\sigma^2 4/4\,\sigma^2 2\,4)-(\sigma 12\,\sigma 3/\sigma 23\,\sigma 13)-(\sigma^2 2\,\sigma 34/\sigma$$

$$23\,\sigma 24)++(\sigma 12\,\sigma 34+\sigma 14\,\sigma 23)/2\,\sigma 13\,\sigma 24-(1/2)$$

$$(٤-٦٠)$$

$$\sigma^2 rg(3)(4) =$$

$$Q^2g/4(n-1)\,[(\sigma^2 1\,\sigma 4/\sigma^2 14)+(\sigma^2 2\,\sigma^2 3/\sigma^2 23)+$$

$$+(\sigma^2 1\,\sigma^2 3/\sigma^2 13)+(\sigma^2 2\,\sigma 4/\sigma 24)+$$

$$2(\sigma 12\,\sigma 34/\sigma 14\,\sigma 23)+2(\sigma 13\,\sigma 24/\sigma 14\,\sigma 23)]-$$

$$(2\,\sigma^2 1\,\sigma 34/\sigma 14\,\sigma 13)-(2\,\sigma 12\,\sigma^2 4/\sigma 14\,\sigma 24)-$$

$$(2\,\sigma 12\,\sigma^2 3/\sigma 23\,\sigma 13)-(2\,\sigma^2 2\,\sigma 34/\sigma 23\,\sigma 24)+$$

$$(2\,\sigma 12\,\sigma 34/\sigma 13\,\sigma 24)+(2\,\sigma 14\,\sigma 23/\sigma 13\,\sigma 24)-4$$

$$(٤-٦١)$$

٤-٣-٢ تقدير الارتباط الوراثي بواسطة تحليل التباين والتبـاين المشـترك للأخوة :

لتقدير الارتباط الوراثي بمساعدة تحليل الأخوة الأشـقاء أو الأنصـاف الأشقاء يجب أولاً تقدير مكونات التباين للصفتين x و Y، وذلك حسب الجداول (٤-١) و (٤-٢) في فقرة تقدير المكافئ الوراثي .

أما التباين المشترك الوراثي فيتم تقديره بالمبدأ نفسه وذلك حسب الجداول (٤-٣) (٤ - ٤)

Scanned with ACE Scanner

مصادر التباين	SP	FG	MP	E (MP)
بين الآباء	$Sp_v = \sum_{i=1}^{v} \frac{yi..xi}{ni} - \frac{y...x}{N}$	v – 1	$\frac{spv}{v-1}$	$Cov_e + \lambda_1 cov_b + \lambda_2 cov_a$
بين الأمهات داخل الآباء	$Sp_{min\ v} = \sum_{i=1}^{v} \sum_{j=1}^{mi} \frac{yij..xij}{nij} - \sum_{i=1}^{v} \frac{yi..xi}{ni}$	m. – v	$\frac{S_{pmin\ v}}{m.-v}$	$Cov_e + \lambda_3 cov_b$
بين الأمهات (المتبقي)	$SP_R = \sum_{i=1}^{v}\sum_{j=1}^{mi}\sum_{k=1}^{nij} yijk\, xijk - \sum_{i=1}^{v}\sum_{j=1}^{mi} \frac{yijxij}{ni}$	N– m.	$\frac{SP_R}{N-m}$	Cov_e

جدول (٣ – ٤) جدول التباين المشترك في الأخوة الأشقاء .

مصادر التباين	SP	FG	MP	E (MP)
بين الاباء	$Sp_v = \sum_{i=1}^{v} \frac{yi..xi}{mi} - \frac{y...x}{N}$	v – 1	$\frac{spv}{v-1}$	$Cov_e + \lambda_1 cov_a$
داخل الآباء (المتبقي)	$sp_R = \sum_{i=1}^{v}\sum_{j=1}^{mi} y_{ij}x_{ij} - \sum_{i=1}^{v} \frac{yi...xi}{mi}$	m. – v	$\frac{SP_R}{m.-v}$	Cov_e

جدول (٤ – ٤) التباين المشترك للتصنيف البسيط

طرائق التقدير :

١- الأخوة الأشقاء (VG)

$$r_{gvG1} = cov\,a / \sqrt{S^2_{xa}\, S^2_{ya}} \qquad (٦٢-٤)$$

$$r_{gvG2} = cov\,b / \sqrt{S^2_{xb}\, S^2_{yb}} \qquad (٦٣-٤)$$

Scanned with ACE Scanner

$$r_{GvG3} = cov\hat{a} / \sqrt{(S^2_{xa} + S^2_{xb})(S^2_{ya} + S^2_{yb})} \qquad (٦٤-٤)$$

٢- الأخوة أنصاف أشقاء (HG) :

$$r_{ghG} = cov\hat{a} / \sqrt{S^2_{xa} S^2_{ya}} \qquad (٦٥-٤)$$

أما تباين الارتباط الوراثي للأشكال المذكورة فهو :

$$S^2 rg = (1 - r^2 g)^2 / \sqrt{2 h^2 x h^2 y S^2 h^2 x . S^2 h^2 y} \qquad (٦٦-٤)$$

٤ - ٤ معامل التكرار Repeatability :

إن كثيراً من صفات الحيوان تتكرر خلال حياته مثل إنتاج الحليب في مواسم عديدة ، وإنتاج الصوف عند الأغنام ، وإنتاج البيض عند الدجاج الخ .. ويكون من المهم بالنسبة للمربي معرفة العلاقة بين إنتاجين محددين . فالجزء الخطي لهذه العلاقة موجود في الارتباط المظهري ويسمى بمعامل التكرار ($W^2 ij$) .

$$W^2 ij = cov(Xi, Xj) / \sqrt{\sigma^2 x_i \sigma^2 x_j} \qquad (٦٧-٤)$$

فمعامل التكرار يعدّ ضرورياً للتنبؤ عن الإنتاج المتأخر، أو التالي لصفة اقتصادية ما انطلاقاً من الإنتاج الحالي لهذه الصفة ، أو بمعنى آخر لتحديد النجاح الانتخابي الممكن فيما بعد في هذه الصفة . ويشترط أن تكون العلاقة بين قيم الإنتاج خطية إذ يصلح عندئذ الشكل التالي :

$$b_{ij} = cov(X_i, X_j) / \sigma^2 X_i = w^2 ij (\sigma X_j / \sigma X_i) \qquad (٦٨-٤)$$

Scanned with ACE Scanner

إذ تشير Xi إلى الإنتاج المبكر و Xj إلى الإنتاج المتأخر . ويشير الشكل (٦٨ – ٤) إلى تطابق معامل التكرار ومعامل الانحدار إذا تساوى تباين كل من Xi و Xj . تشير نتائج الدراسات المختلفة بشكل عام إلى أن معامل التكرار بين نتائج لقياسات قريبة من بعضها البعض أكبر من تلك المأخوذة بين قياسات بعيدة عن بعضها ، فمثلاً يكون W2 بين الموسم الأول والثاني أكبر من W2 بين الموسم الأول والثالث . في حال وجود أكثر من سجلين للحيوان يحسب معامل التكرار من خلال تحليل التباين ، وغالباً ما تؤخذ في مثل هذا التحليل كل النتائج المتوافرة إذ تحسب MQ لـ بين الحيوانات و MQ داخل الحيوانات حسب الجدول (٤-٢) إن مكونات التباين $\sigma^2 a$ و $\sigma^2 e$ تحسب من الجدول وتوضع في الشكل التالي :

$$\hat{W}2\,ij = \sigma^2 a / (\sigma^2 a + \sigma^2 e) \qquad (٤-٦٩)$$

في المراجع العلمية المختصة يتم التنويه إلى العلاقة بين الـ h^2 و Wij ، وقد أكدت هذه المراجع أن الـ W2 يعرض الحدود العليا لـ h^2 بالمعنى الواسع .

في مجال آخر أظهرت الدراسات الكثيرة على أنواع حيوانية كثيرة أن العلاقة بين الإنتاج الأول والإنتاج التالي ضعيفة . وبناءً على ذلك نستنتج عملياً أن قيم الإنتاج الأول تصلح بشكل أقل من قيم الإنتاج التالي ، لوصف القيمة التربوية لأحد الحيوانات . ولكن بالمقابل يؤدي الإنتاج التالي إلى إطالة فترة الجيل ؛ لذلك يجب على المربي في هذه المسائل الموازنة بين السلبيات والإيجابيات واتخاذ القرار الصائب .

Scanned with ACE Scanner

الفصل الخـــامـــس

اختبـــــارات الإنتـــــاج

٥ – ١ الأسس العامة لتنفيذ اختبارات الإنتاج .

٥ – ٢ وظائف ومهام اختبارات الإنتاج .

٥ – ٣ اختبار نتائج الأسلاف .

٥ – ٤ اختبار الإنتاج الذاتي .

٥ – ٤ – ١ توافر معلومة مباشرة من حيوان التربية .

٥ – ٤ – ٢ توافر معلومة غير مباشرة (صفة مساعدة) من حيوان التربية .

٥ – ٥ اختبار إنتاج الأخوة

Scanned with ACE Scanner

اختبـــــارات الإنتـــــاج

تعرف اختبارات الإنتاج من وجهة نظر التحسين الوراثي أنها أســاليب تسجيل القيم المظهرية لصفات معينة في حيوانات التربية وحيوانات الإنتــاج ، وذلك لتحقيق الأهداف التالية :

- تنفيذ التقويم الفردي لحيوانات التربية كأساس لتقدير القيمــة التربويــة والانتخاب .
- تقدير المقاييس التربوية الضرورية لخطط التربية ضمن إطار تحليــل العشيرة .
- تقويم نتائج أسلاف الحيوان في برامج تربية الخلط .
- تقويم اقتصادي وتقني لأساليب الإنتاج وتطوراتها في المحطات كأساس للقرارات والإرشادات العلمية .
- الحصول على معلومات أساسية لإقرار السياسات الزراعية .

٥-١ الأسس العامة لتنفيذ اختبارات الإنتاج :

تنفذ اختبارات الإنتاج في محطات خاصة بالاختبارات ، ويطلق عليهــا عندئذ مصطلح اختبارات المحطة ، كذلك في محطات إنتاجية وتوصــف هنــا بالاختبارات الحقلية . وتتميز اختبارات المحطة أنهــا تمكّـــن مــن توحيــد الظروف البيئية مثل التعليف والرعاية ، وهذا الأمر يؤدي إلى تحقيق قيم عالية للمكافئ الوراثي h^2 للصفات الإنتاجية ، وبالتالي الحصول على تقدير أدق للقيم

Scanned with ACE Scanner

التربوية . فهذه الاختبارات تحقق شروط الحياد والموضوعية لاختبارات الإنتاج؛ إلا أنه ومقابل هذه المزايا تسجل بعض الملاحظات عليها مثل التكاليف الباهظة للاختبار لكل حيوان ، ومحدودية أماكن الاختبار التي قد تؤدي إلى انخفاض أعداد حيوانات الاختبار، وبالتالي إلى انخفاض الشدّات الانتخابية الممكن استخدامها في الانتخاب.

ومن جانب آخر يمكن لظاهرة التداخل بين النموذج الوراثي والعوامل البيئية ، التي تنشأ في أسلوب هذا الاختبار ، أن تغير من ترتيب حيوانات التربية عند تطبيق قيمها التربوية وتحت ظروف الإنتاج . فالحيوانات المتميزة تحت ظروف اختبارات المحطة قد تفقد هذا التفوق في محطات الإنتاج . فظاهرة التداخل هذه تنشأ عن الاختلافات بين بيئة الاختبار وبيئة الإنتاج ، وتسجل بعض هذه الاختلافات في أساليب الرعاية والتغذية بين البيئتين . لقد برهنت تجارب كثيرةٌ على وجود التداخل بين الوراثة والبيئة من خلال معاملات الارتباط المنخفضة المقدرة بين اختبارات المحطة والاختبارات الحقلية لصفات اللحم عند الأبقار والخنازير . ومن الممكن الحد والإقلال من مقدار هذا التداخل ، وذلك في حال استخدمت محطات الاختبار الأساليب الإنتاجية المعروفة في الميدان العملي .

من جهة أخرى يؤدي إهمال هذا التأثير المتبادل بين الوراثة والبيئة إلى فوارق كبيرة بين النجاح الانتخابي المتوقع و النجاح الانتخابي المحقق . لذلك يكون من الضروري عدم إغفال هذا الموضوع عند تقويم أساليب اختبار الإنتاج عند وضع خطط التربية .

Scanned with ACE Scanner

أما في الاختبارات الحقلية – على رغم – عيوبها المتمثلة في عدم القدرة على توحيد الظروف البيئية ، فهي تعد بتحقيق نجاح انتخابي مناسب حتى في الصفات المنخفضة المكافئ الوراثي ، مثل الخصوبة والتأقلم ، وذلك لإمكانية اختبار أعداد كبيرة من الحيوانات .

إن العلاقة بين العينة ، أي حيوان التربية الذي تقدّر له القيمة التربوية ، وبين مصدر المعلومات ، أي الحيوان الذي يكون مصدر المعلومات المهمة لتقدير القيمة التربوية ، تصنف اختبارات الإنتاج . فهناك اختبار لإنتاج الأسلاف ، واختبار الإنتاج الذاتي ، واختبار الأخوة ، واختبار النسل ، وذلك حسب مصدر المعلومات . إن هذا التمييز لا يمس أساليب الاختبار ، وإنما يشير إلى كيفية استخدام المعلومات عند تقدير القيمة التربوية ، وغالباً ما تستخدم معلومات المصادر كلها بشكل مركب . إن هذا الاستخدام المركب لمصادر المعلومات المختلفة يزيد في أهمية اختبارات الإنتاج ، إذ يمكن من خلال ذلك تحقيق قيم تربوية موثوقة بشكل أكبر والوصول بالتالي إلى نجاح انتخابي أعلى .

إن الصفات المسجلة في اختبارات الإنتاج هي في البداية عبارة عن ما يسمى بصفات معلومات ، وفي الحالة المناسبة تتطابق هذه الصفات مع الصفات الانتخابية . ولكن في بعض الأحيان لا يمكن الكشف عن الصفات الانتخابية في اختبار الإنتاج بشكل مباشر ، لغياب أو لصعوبة طريقة قياسها ، عندئذ يجب دراستها بشكل غير مباشر من خلال صفة معلومات . ولهذا الأمر يشترط وجود ارتباط وراثي شديد بين الصفة الانتخابية وصفة المعلومات ، كما يستوجب أن تحقق الصفات الإنتاجية بعض الشروط ، كأن تكون قابلة للقياس

Scanned with ACE Scanner

بشكل دقيق ، وأن تكون ذات أهمية اقتصادية ، وأن تملك مكافئاً وراثياً h^2 وتبايناً وراثياً مناسبين .

أما بالنسبة لطرائق تسجيل قيم الصفات فيجب أن تتمتع بتكرارية عالية (دقة) ، لتخفيض الخطأ العشوائي للقياس ، وبصدق كبير (مصداقية) لتحجيم الخطأ المنتظم للقياس ، وكذلك بدعم قوي من المبررات الفيزيولوجية لشرح أسباب مظاهر الصفات . إن هذه الشروط لاختبار الصفات نفذت بالنسبة للكثير من الصفات المهمة اقتصادياً والفضل يعود إلى التطور في التقانات، وقياس الصفات ، والفنيين العاملين في هذا المجال .

وتجدر الإشارة إلى أن التسجيل الدقيق والفهم العميق للصفات الإنتاجية يتطلب مراعاة سير تطور مظهر الصفات خلال فترة الاختبار مثل المراحل المختلفة في التسمين أو في الموسم الإنتاجي الواحد .

٥- ٢ وظائف ومهام اختبار الإنتاج :

يشكل اختبار الإنتاج من وجهة نظر تربية الحيوان أساساً لتقدير القيمة التربوية – والوراثية ، ولذلك يجب عليه أن يحقق المتطلبات التالية :

- التحري الدقيق عن الإنتاج المظهري ، أي بمعنى تسجيل نتائج الإنتاج دون أخطاء . فالأخطاء يمكن أن تظهر عند قياس الإنتاج أو عند ترحيل القيم . إن مثل هذه الأخطاء في السجلات لا يمكن التخلص منها ، حتى باستخدام كل الإمكانات التي تقدمها أجهزة الحاسوب ، لذلك يتحمل مسؤولية هذا الخطأ كل العاملين في تنفيذ اختبار الإنتاج .

Scanned with ACE Scanner

- المهمة الثانية لاختبار الإنتاج تتجلى في الكشف الدقيق – قدر الإمكان– عن التركيب الوراثي للحيوان انطلاقاً من تركيبه المظهري . وهذا يقوم على توحيد الظروف البيئية في محطات الاختبار . وبعلاقة مع هذا الموضوع ومع مسألة التخلص من المؤثرات البيئية المنتظمة تتبثق مسألة أخرى تتعلق بإمكانية مقارنة نتائج الاختبارات. فطالما كانت المقارنة المباشرة فيما بينها غير ممكنة ، وجب تصحيحها أو تعديلها لتصبح جاهزة لذلك . إن كثيراً من العوامل المؤثرة يمكن توحيدها بواسطة أساليب إدارية مثل التغذية والإيواء ، وهناك عوامل أخرى لا يمكن للإنسان أن يؤثر فيها لذلك يدرسها ويأخذها بالحسبان أثناء تقييمه . ونسمي مثالاً على ذلك تأثيرات السنة والتي تختلف من عام لآخر . إن مثل هذه العوامل المؤثرة تشوه نتائج الاختبارات وتضبط تحت ما يسمى بالمؤثرات البيئية المنتظمة أو المؤقتة . إن التخلص من المؤثرات البيئية المنتظمة يستدعي تشكيل قياس مقارنة شامل ، وبالتالي فإن القيم المظهرية للصفات ، التي نحصل عليها من خلال الإنتاج ، لا تستخدم بشكلها المطلق ، بل كانحراف عن مقياس المقارنة .

إن مكونات قيم الصفات المظهرية في اختبار الإنتاج تحت المؤثرات البيئية المنتظمة تتبع النموذج التالي:

$$Pi = \mu + g + Usi + U_{2i} \qquad (١-٥)$$

إذ تشير كل من :

Pi = قيمة الصفة المظهرية للحيوان i.

Scanned with ACE Scanner

g_i = الأثر الوراثي للحيوان i .

U_{si} = الآثار البيئية المنتظمة للحيوان i .

U_{2i} = الآثار البيئية العشوائية للحيوان i .

أما مقياس المقارنة فيعرف أنه القيمة المتوسطة الناتجة عن قيم الصفة من كل الحيوانات الخاضعة للمؤثر البيئي المنتظم نفسه، انطلاقاً من المعلومة الوراثية التي تصرح أن الآثار البيئية العشوائية والآثار الوراثية تزيل بعضها البعض عند القيمة المتوسطة ، فإن مكونات مقياس المقارنة للحيوانات تكتب حسب الشكل التالي :

$$V_{Gpi} = (\mu) + U_{si} \qquad (٢-٥)$$

أما الفارق بين قيمة الصفة المظهرية pi ومقياس المقارنة V_{Gpi} ، فيعبر عنه حسب الشكل التالي :

$$p_i - V_{Gpi} = g_i + U_{2i} \qquad (٣-٥)$$

وهو عبارة عن قيمة تقديرية لمجموع كل من الأثر الوراثي و الأثر البيئي العشوائي فمن خلال هذا الأسلوب تم التخلص من المؤثرات البيئية المنتظمة إلى حد كبير ، وبالتالي تصبح نتائج الاختبار قابلة للمقارنة فيما بينها، فيما يلي نحدد أشكال الاختبارات ومواصفاتها حسب مصدر المعلومات .

٥ - ٣ اختبار نتائج الأسلاف :

إن تقويم حيوانات التربية حسب نتائج الأسلاف يوصف بتقويم النسب ، وهذه الطريقة استخدمت منذ زمن طويل إذ أنشأ لذلك ما يسمى بسجل القطيع ،

Scanned with ACE Scanner

وكانت الفكرة الأساسية لتقويم النسب تقوم على أن الفرد يرث فقط مـا يملكـه الأسلاف ، و بذلك أغفلت النقطتان التاليتان :

١- أن الآباء تعطي أفراد نسلها فقط نصف ما تملكه من مورثات .

٢- أن ما يسجل للأسلاف فقط هو الإنتاج المظهري ، في حين تبقى القيم الوراثية للصفات الإنتاجية غير معروفة .

أما اليوم فيستخدم إنتاج الأسلاف لانتخاب الحيوانات الصغيرة التي لـم تعط بعد إنتاجها الخاص ، فالأمر يتعلق إذاً بالانتخاب الأولي ؛ لأن الحيوانات المنتخبة سوف تخضع لاختبارات أخرى حتى يبتّ بأمرها ، وتلعب اختبـارات الأسلاف دوراً مهماً في الصفات المحددة بالجنس ، إذ تكون نتـائج الأسـلاف مبدئياً المعيار الانتخابي الوحيد . يمكن التعبير عن النموذج الوراثي لعينة مـا من النموذج المظهري لأحد أسلافها كالتالي :

$$\hat{G} = \mu + B_{Gpj} (pj - \mu) \qquad (٤-٥)$$

أما دلالات الرموز فهي كالتالي :

$\hat{G}$ = قيمة النموذج الوراثي المقدرة للحيوان المختبر .

μ = متوسط العشيرة .

β_{Gpj} = معامل الانحدار للنموذج الوراثي للعينة على النموذج المظهري للسلف j

Pj = القيمة المظهرية للصفة في السلف j .

فالأثر الوراثي $\hat{g}$ للعينة يعبر عنه بالتالي :

Scanned with ACE Scanner

$$g = B_{Gpj} (pi - \mu) \qquad (٥-٥)$$

وهو يشير إلى التفوق الوراثي (أو التدهور) للعينة بالنسبة لمتوسط العشيرة ، والمتوقع على أساس إنتاج السلف j . وعملياً يتم في تقدير القيمة الوراثية باستخدام نتائج الأسلاف تقليل للمؤثرات البيئية المنتظمة بواسطة مقياس المقارنة (VG) الذي يوضع مكان متوسط المجموع μ في الشكلين (٥-٤) و (٥ - ٥) .

أما بالنسبة لتقدير دقة معلومة إنتاج الأسلاف فيستخدم معامل الانحدار أو الارتباط بين النموذجين الوراثي لحيوان العينة الواجب تقييمه و المظهري لسلفه. وللتبسيط ندرس حالة توافر سلف واحد. فحسب تعرف معامل الانحدار نحصل على الشكل التالي :

$$B_{Gpj} = cov (G , p) / \sigma^2 p \qquad (٦-٥)$$

إذ تشير $\sigma^2 p$ إلى التباين المظهري لإنتاج السلف . إذا افترضنا أن التباين الوراثي والمظهري في العشيرة لا يتغير بين الأجيال والتباين المشترك $cov (G , p)$ يتعلق بمعامل القرابة Vj بين السلف j والعينة وكذلك بالتباين الوراثي $\sigma 2g$ ، ينتج عندئذ أن :

$$B_{Gpj} = Vj . \sigma^2 g \ / \sigma p \sigma p = \boxed{V. h^2} \qquad (٧-٥)$$

والارتباط الذي نبحث عنه هو عبارة عن النسبة بين التباين المشترك والانحراف المعياري للصفتين أي :

Scanned with ACE Scanner

$$Q_{Gpj} = \text{cov}(G, p) / \sigma g \sigma p = Vj \cdot \sigma^2 g / \sigma g \sigma \quad (٥-٨)$$
$$p = Vj\, h$$

وبمراعاة (٥-٧) ضمن الشكل (٥-٨) يصبح لدينا شكل الارتباط التالي :

$$Q_{Gpj} = Vj \cdot \sqrt{B\,Gpj / Vj} = \sqrt{BGpj \cdot Vj} \quad (٥-٩)$$

في حالات كثيرة تتوافر لحيوان ما معلومات من عدة أسلاف ،ففي مثل هذه الحالات يجب الاستفادة من كل المعلومات المتوافرة وربطها مع بعضها بشكل مثالي للحصول على تقدير دقيق للقاعدة الوراثية لحيوان التربية .

إن استخدام نتائج عدة أسلاف يتم عن طريق ما يسمى بالدليل . والجدير ذكره هنا أن الربط المثالي لنتائج الأسلاف يتحقق عندما يكون الارتباط بين الدليل والقيمة الوراثية أو الأثر الوراثي للفرد Q_{Gi} أعظمياً ، وذلك لعلاقة هذا الارتباط المباشرة مع النجاح الانتخابي ،وتحت هذه الشروط يكشف عن معاملات الانحدار Bj لنتائج الأسلاف مفردة حسب المعادلة التالية :

$$I = B_1 (P_1 + V_{G1}) + B_2 (P_2 + V_{G2}) + \ldots\ldots\ldots + Bn(pn + V_{Gn})$$

$$I = \Sigma_1^n (Pj - VGj) \quad (٥-١٠)$$

إذ Pj = قيمة الصفة المظهرية للسلف j .

V_{Gj} مقياس المقارنة للسلف j .

إن الشكل المذكور يطابق معادلة الانحدار المتعدد ، و يمكن حلها عند توافر مصادر المعلومات من خلال نظام n من المعادلات العادية ، وبشكل عام يستخدم نظام معادلة معاملات الارتباط التالية :

Scanned with ACE Scanner

$$Qgi = \Sigma_1^n \; Qij \; B\,j \qquad (١١-٥)$$

إذ تشير Qgi إلى معامل الارتباط بين مصدر المعلومات j والقيمة الوراثية للحيوان المقوم.

و Q_{ij} إلى معامل الارتباط بين نتائج الأسلاف i و j .

و B_j إلى معامل الانحدار المعدل لمصدر المعلومات j .

من خلال حل المعادلة نحصل أولاً على معاملات الانحدار الجزئية المعدلة ، والتي تتضح من خلال التحويل التالي :

$$Bj = B'j \; . \sigma g / \sigma p = B'j \; . h \qquad (١٢-٥)$$

نحصل على معامل الانحدار المطلوب .

في حال توافر مصدرين للمعلومات يتشكل لدينا نظام المعادلات التالية :

$$Qg_1 = Q_{11} B'_1 + Q_{12} B'_2$$
$$Qg_2 = Q_{21} B'_1 + Q_{22} B'_2$$

وفي المثال التالي نوضح طريقة الاستعمال . يراد تقويم ثور صغير انطلاقاً من إنتاج أمه (p_m) وجدته من ناحية أمه (p_{mm}) . ما هي الأهمية التي تعطى لكلا الإنتاجين ؟ نستعين بالشكل البياني للقرابة رقم (٥-١) لاستنتاج معاملات الارتباط الضرورية.

ونحصل عليها من خلال ضرب القيم التي تعرض على أسهم الربط . وفي حال عدم توافر تربية داخلية يصبح لدينا

$$Q_{gm} = 1/2\ h \qquad Q_{gmm} = 1/4\ h \qquad Q_{m\,mm} = Q_{mm\,m}\ 1/2h^2$$

Scanned with ACE Scanner

أما ارتباط نتائج السلف مع نفسه تساوي الواحد .

لذلك يأخذ نظام المعادلات الشكل التالي :

$$1/2\ h = B'_m + 1/2\ h2\ B'_{mm} \quad , \quad 1/4\ h = 1/2\ h^2\ B'_m + B'_{mm}$$

وبعد حل نظام المعادلات هذا ينتج لدينا المعاملات التالية:

$$B'_m = h\ (4 - h^2)\ /\ (8 - 2\ h^4)\ , B'_{mm} = 2h\ (1 - h^2)\ /\ (8 - 2\ h^4)$$

وعند أخذ الشكل (١٢ – ٥) بالحسبان ينتج :

$$B_m = h^2\ (4 - h^2)\ /\ (8 - 2\ h^4),\ B'_{mm} = 2h^2\ (1 - h^2)\ /\ (8 - 2\ h^4)$$

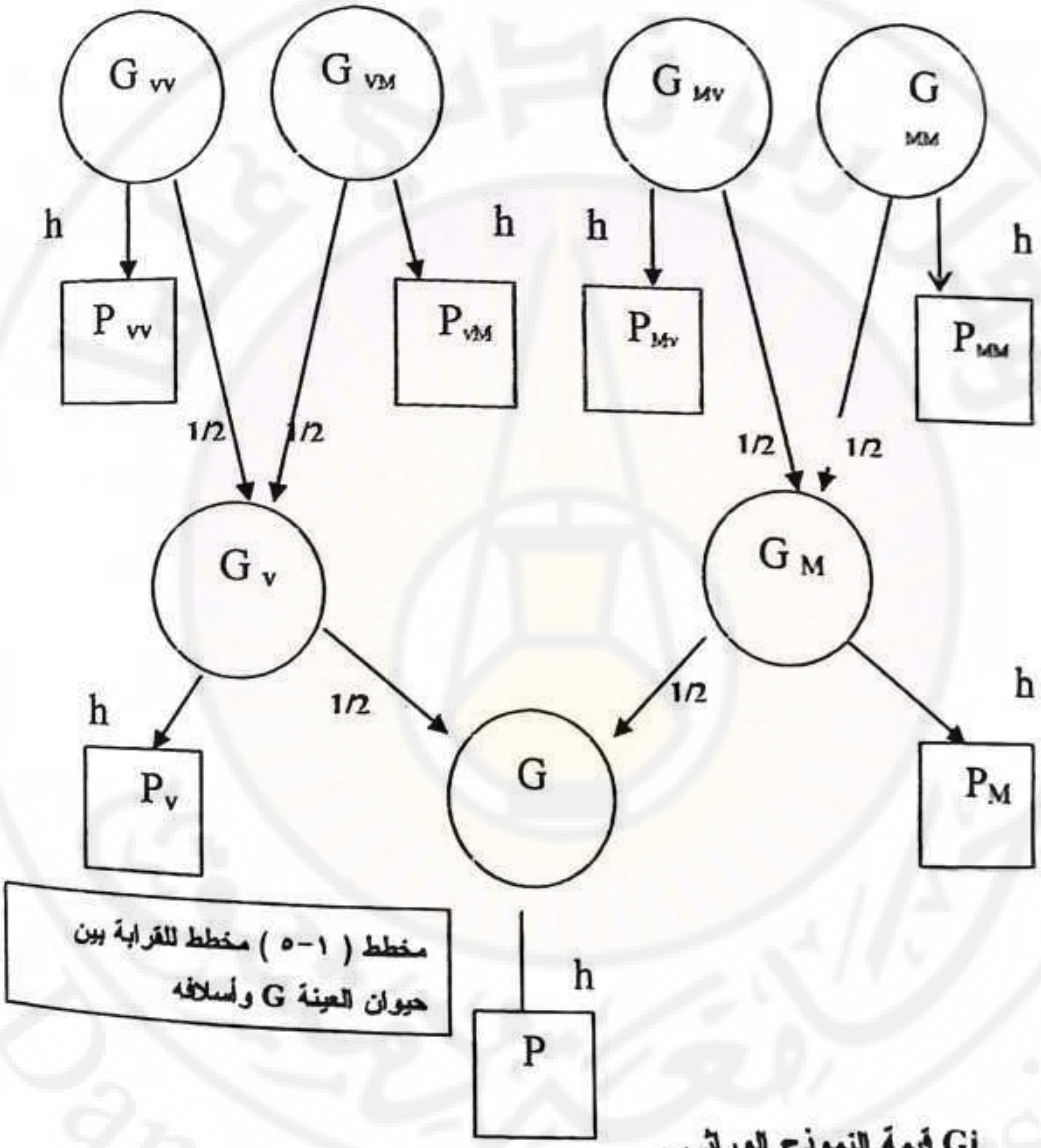
إن معاملات الانحدار تتغير في التراكيب المختلفة للأسلاف ، لذلك يجب حسابها من جديد في كل تركيبة ، وهي تتألف من ثـ h مكونـات (بعكـس معاملات الانحدار البسيطة) وهي :

$$B\,j = Vj\ .\ h^2\ .f$$

فبالإضافة إلى معامل القرابة والمكافئ الوراثي للصفة يلعـب العامـل f دوراً يحدد من علاقات نتائج الأسلاف فيما بينها ، فيزداد هـذا العامـل كلمـا انخفضت الارتباطات بين الأسلاف؛ ولأن هذه الارتباطات تتحدد مـن درجـة القرابة ، والمكافئ الوراثي حسب المخطط (٥–١) فإن نتائج الأفراد الأقارب تعطي أقل بخصوص فرد ثالث ترتبط معه بعلاقة قرابة مقارنة بالأفراد الأقـل درجة قرابة . ففي حالة الأفراد غير الأقارب تكون نتائجهم مستقلة عن بعضها البعض ، وبالتالي فإن قيمة العامل f تساوي الواحد ، لذلك تحدد قيمة معاملات الانحدار حسب الطريقة البسيطة الموضحة بالشكل (٥–٧) . هذه الحالة تظهر

Scanned with ACE Scanner

على سبيل المثال عند توافر نتائج أسلاف غير مرباة داخلياً من جهة الأم والأب.



مخطط (١-٥) مخطط للقرابة بين حيوان العينة G وأسلافه

Gi قيمة النموذج الوراثي .

Pi قيمة النموذج المظهري .

h الجذر التربيعي للمكافئ الوراثي.

Scanned with ACE Scanner

M الأم و V الأب .

MM الجدة من ناحية الأم و MV الجد من ناحية الأم .

VM الجدة من ناحية الأب و VV الجد من ناحية الأب .

لو افترضنا في مثالنا السابق توافر نتائج إنتاج الجدة من ناحية الأب بالإضافة إلى إنتاج الأم للتقويم التربوي ، عندئذ تنتج معاملات الارتباط التالية:

$Q\,g_{mm} = 1/4\ h$ $\qquad$ $Q_{gm} = 1/2\ h$

$$Q_{m\,vm} = Q_{vm\,m} = 0$$

والتي تؤدي إلى نظام المعادلات التالية :

$$1/2\,h = B'_M + 0$$

$$1/4\,h = 0 + B'_{vm}$$

أما قيم معاملات الانحدار، فهي كالتالي :

$$B_m = B'_m \cdot h = 1/2\,h^2\ ,\ B_{vm} = B'_{vm} \cdot h = 1/4\,h^2$$

وكما نلاحظ ، فإن هذه القيم تناسب القيم الإفرادية للأسلاف في الشكل (٥-٧).

إن الارتباط بين القيمة المقدرة والحقيقية في حالة المصادر المتعددة للمعلومات يحسب وفق الشكل التالي :

$$Q_{GI} = \sqrt{\sum_1^n v_i B_i} \qquad (١٣-٥)$$

إن دقة الاختيار التربوي حسب إنتاج الأم وإنتاج الجدة من ناحية الأب يبلغ عند $h2 = 0.25$ القيمة التالية :

Scanned with ACE Scanner

$$r_{GI} = \sqrt{(1/4\ h^2 + 1/16\ h^2)} = \sqrt{1/16 + 1/64} = 0.280$$

وعند استخدام الجدة من ناحية الأم أيضاً تنتج القيمة التالية للدقة :

$$r_{GI} = \sqrt{[1/2h^2(4-h^2)/(8\,2h^4)]+[1/2h^2(1-h^2)/(8\,2h^2)}$$

$$= \sqrt{[1/2h^2(5-2h^2)]/(8-2h^2)}$$

$$= \sqrt{[1/2.1/4(5-2.1/4)]/(8-2.1/16)} = 0.267$$

وهذه القيمة أقل من القيمة في الحالة الأولى كما هو متوقع بسبب قرابة الأسلاف . في الجدول (٥-١) تعرض قيم لدقة الاختيار حسب نتائج مختلفة للأسلاف بتركيبات عديدة ، وذلك كمعاملات للارتباط بين القيمة الوراثية الحقيقية والمقدرة ، ولقيم مختلفة للمكافئ الوراثي .

Scanned with ACE Scanner

	h^2					
	0.1		0.3		0.6	
	Abs.	rel.	Abs.	rel.	Abs.	rel.
MM	0.08	0.25	0.14	0.25	0.19	0.25
MM+Vm	0.11	0.34	0.19	0.35	0.27	0.35
MM+Vm+MV	0.14	0.44	0.24	0.44	0.34	0.44
MM+Vm+MV+VV	0.16	0.50	0.27	0.49	0.39	0.51
M	0.16	0.50	0.27	0.49	0.39	0.51
M+MM	0.17	0.53	0.29	0.53	0.40	0.52
M+VM	0.18	0.56	0.31	0.56	0.43	0.56
M+MM+Vm	0.19	0.59	032	0.58	0.44	0.57
M+V	0.22	0.69	0.39	0.71	0.55	0.71
M+V+MM	0.23	0.72	0.40	0.73	0.55	0.71
M+V+MM+Vm	0.25	0.78	0.41	0.75	0.56	0.73
M+V+MM+VM+MV+VV	0.27	0.84	0.43	0.78	0.57	0.74
	0.32	1.00	0.55	1.00	0.77	1.00

جدول (١ – ٥) دقة اختيار التربية حسب نتائج مختلفة للأسلاف (Flock وآخرون ١٩٧١)

إذ ترمز M إلى نتائج الأم و V إلى نتائج الأب ، و MM نتائج الجدة من ناحية الأم ، و VM نتائج الجدة من ناحية الأب ، و VV نتائج الجد من ناحية الأب.

إن معاملات الارتباط المذكورة تكون على علاقة مباشرة مع النجاح الانتخابي في كل جيل ، لذلك يؤثر كل تغيير مباشرة في النجاح الانتخابي في حال ثبات كل من فترة الجيل والشدة الانتخابية، كما يعرض الجدول الدقة كنسبة للإنتاج الذاتي . فمن خلال قراءة هذا الجدول تسجل الملاحظات التالية :

Scanned with ACE Scanner

تزداد دقة اختيار التربية مع ازدياد قيم المكافئ الوراثي بشكل مطلق ، كما تنخفض الدقة كلما بعدت قرابة الأسلاف لنفس قيمة المكافئ الوراثي . فالثقة بنتائج الأم (وهذا الكلام ينطبق على نتائج الأب) تطابق نصف الثقة للإنتاج الذاتي ، كما تنخفض إلى الربع ، في حال إنتاج أحد الأجداد .ويمكن لتركيبة نتائج عدة أسلاف أن تزيد الثقة ، إلى أن ما يورده إنتاج الأجداد الأربعة من معلومات ، في حال توافرها ، لا يتجاوز معلومات نتائج أحد الأبوين ، وبالتالي نصف الإنتاج الذاتي . وهذا يعني أن الانتخاب في العشيرة بناء على نتائج أحد الأبوين وحسب إنتاج الأجداد الأربعة ، يخفض النجاح الانتخابي إلى النصف مقارنة بالانتخاب حسب الإنتاج الذاتي . وتجدر الإشارة إلى أن دقة اختيار التربية لصفات ذات مكافئ وراثي منخفض من خلال استخدام نتائج إضافية للأسلاف تقارب محتوى المعلومات للإنتاج الذاتي بشكل أكثر منه لصفات ذات مكافئ وراثي مرتفع على الرغم من بقاء الدقة المطلقة منخفضة . فعلى سبيل المثال تبلغ الدقة عند انتخاب صفة ذات مكافئ وراثي $h^2 = 0.1$ باستخدام نتائج الأهل والأجداد الأربعة فقط / ٠,٢٧ / ، في حين ترتفع إلى / ٠,٥٧ / عند تغير قيمة المكافئ الوراثي إلى $h2 = 0.6$. ولكن بالمقارنة مع الإنتاج الذاتي تحقق الدقة في الحالة الأولى / ٠,٨٤ / وفي الثانية / ٠,٧٤ / من دقة الإنتاج الذاتي .

إن النقطة الإيجابية لنتائج الأسلاف تلاحظ في موضوع الوقت الذي يجب عنده اتخاذ القرار التربوي . فبالنسبة لنتائج الأسلاف لا تبرز مشكلة إطالة فترة الجيل ولا يتطلب معرفتها مزيداً من التكاليف والنفقات المهمة ، لأن إنتاج الأسلاف مسجل مسبقاً ضمن إطار اختبار الإنتاج لحيوانات التربية .

Scanned with ACE Scanner

٥ - ٤ اختبار الإنتاج الذاتي :

يعبر الإنتاج الذاتي عن الإنتاج المظهري لحيوان التربية الخاضع للانتخاب ، والمحدد لمتابعة التحسين الوراثي في حال تحقيقه للشروط اللازمة لذلك .

بناءً على هذا التعريف لا تملك كل الحيوانات اختباراً للإنتاج الذاتي . إن اختبار الإنتاج الذاتي يصطدم بمعوقتين مهمتين : الأولى تظهر في الصفات المحددة بالجنس ، إذ لا يمكن تسجيل قيم الصفات إلا في أحد الجنسين ، لذلك يملك هذا الجنس فقط الإنتاج الذاتي (كما هو الحال في صفات منتج الحليب عند إناث الحيوانات) . وفي هذه الحالة تقوّم الحيوانات الذكور بناء على نتائج أقاربها الإناث .

أما العقبة الثانية فتبرز عندما نضطر إلى ذبح الحيوان للكشف عن بعض الصفات مثل تقويم صفات الذبيحة ، وبالتالي لا يمكن متابعة التربية من خلال هذه الحيوانات ، لذلك يعمد المربون إلى استخدام نتائج أفراد أقارب والحكم من خلالهم على حيوانات التربية . وقد يساعد التطور في التقانة الحيوية المستخدمة في الإنتاج الحيواني مثل حفظ السائل المنوي لفترات زمنية طويلة في التلقيح الاصطناعي .

إن الأهمية الكبيرة للإنتاج الخاص تقوم على امتلاك هذا الاختبار معلومات مهمة ومصداقية كبيرة ، وكذلك على ترتيبه الزمني كمصدر قريب للمعلومات بعد نتائج الأسلاف .

إن القيمة الوراثية أو التربوية لحيوان التربية تقدر من إنتاجه الذاتي حسب الحالتين التاليتين:

Scanned with ACE Scanner

٥ – ٤ – ١ توافر معلومة مباشرة من حيوان التربية :

تمثل هذه الحالة تقدير القيمة الوراثية لصفة من خلال قيمتها المظهرية. ومثال ذلك نذكر تقدير القيمة الوراثية لبقرة حليب ($\hat{A}M$) بالنسبة لصفة كمية الحليب انطلاقاً من إنتاجها في الموسم الأول (PM) ، المسجل في اختبارات إنتاج الحليب .

$$\hat{A}M = \underline{h^2}_M (P_M - \overline{P}_M) \qquad (١٤-٥)$$

$\hat{A}M$ = القيمة الوراثية المقدرة .

h^2_M = معامل انحدار القيمة المظهرية على القيمة الوراثية ، وهنا تتناسب مع المكافئ الوراثي لكمية الحليب في العشيرة .

$(P_M - \overline{P}_M)$ = الانحراف المظهري للبقرة عن متوسط رفيقات القطيع في اختبار إنتاج الحليب .

أما دقة تقدير هذا الأسلوب فتحسب حسب الشكل التالي :

$$r_{AP} = h^2_M . (\sigma_M / \sigma_{AM}) = h^2 M / h_M = h_M \qquad (١٥-٥)$$

في الفقرة التالية سنعالج الحالة الأولى بخصوصية الإنتاج المتكرر ، إذ يمكن لتكرار النتائج أن يحسن تقدير القيمة الوراثية للحيوان . وهنا يستخدم متوسط النتائج المتكررة كمقياس انتخابي . إن نموذج الصفة بالنسبة للإنتاج الواحد يتبع الشكل التالي :

$$P_i = \mu + g_i + U_{si} + U_{zi}$$

Scanned with ACE Scanner

وقد تم شرح دلالات الرموز هذه في فقرة سابقة . بناء علـــى مكونـــات النموذج السابق ، فإن تباين متوسط الإنتاج المتشكل من n إنتاج فردي يتـــألف من المكونات التالية :

$$\sigma^2 P_n = \sigma^2 g + \sigma^2 u_s + \sigma^2 z / n \qquad (٥-١٦)$$

إذ تدل $\sigma^2 P_n$ على تباين متوسط الإنتاج الناتج عن n من الإنتاج الفردي .

و $\sigma^2 g$ على التباين الوراثي

و $\sigma^2 us$ على التباين الناتج عن العوامل البيئية المنتظمة .

$\sigma^2 z$ على التباين الناتج عن العوامل البيئية العشوائية .

كما نلاحظ فإن استخدام متوسط النتائج يمكن من خفض التبـــاين البيئـــي المؤقت ، بعكس تأثير مقياس المقارنة ، أما بالنسبة للمكافئ الوراثي لمتوســـط الإنتاج h^2pn ،فيعبر عنه (حسب تعريفه) بالشكل التالي :

$$h^2_{pn} = \sigma^2 g / (\sigma^2 g + \sigma^2 Us + \sigma^2 Uz / n) \qquad (٥-١٧)$$

وبتحويل معين يكتب على الشكل التالي :

$$h^2_{pn} = n h^2 / [1 + (n-1) w] \qquad (٥-١٨)$$

وتشير w إلى معامل التكرار . أما معامل الارتباط بين القيمة الوراثية للعينـــة ومتوسط الإنتاج فهو :

$$Q_{GPn} = \sqrt{n h2 / [1 + (n\ 1) w]} \qquad (٥-١٩)$$

Scanned with ACE Scanner

٥ ـ ٤ ـ ٢ توافر معلومة غير مباشرة من حيوان التربية (لصفات مساعدة) :

في هذه الحالة يتم استنتاج القيمة الوراثية لصفة لا تمتلك ما يسمى باختبار الإنتاج الذاتي ،ونذكر المثال التالي لشرح هذه الحالة . لنفترض عدم توافر اختبار الإنتاج الذاتي لخروف ما ،وذلك لصفة الاستفادة من العلف ، وإنما تتوافر معلومات فقط حول صفة النمو اليومي Pz ، لذلك يمكن تقدير القيمة الوراثية أو التربوية لصفة الاستفادة من العلف من صفة النمو اليومي إذا توافر بين الصفتين ارتباط وراثي r_{azf} مناسب .

وبالتالي يكون الشكل الرياضي للقيمة التربوية المقدرة لصفة الاستفادة من العلف حسب التالي:

$$\hat{A}F = b_{AFZ}(P_z - \overline{P_z}) \qquad (٢٠-٥)$$

إذ يمثل b_{AFZ} معامل انحدار الانحراف الإنتاجي المظهري للخروف في صفة النمو اليومي على القيمة التربوية للاستفادة من العلف ، وفي هذه الحالة يكون :

$$b_{AFZ} = \sigma_{Afz} / \sigma^2 Z = r_{AZF} \cdot \sigma_{AF}\ \sigma_{AZ} / \sigma^2 z$$

$$= r_{AZF} \cdot hf \cdot h_z (\sigma_f / \sigma_z) \qquad (٢١-٥)$$

وبالتالي :

$$\hat{A}F = r_{AZF} \cdot hf \cdot h_z (\sigma_f / \sigma_z)(\overline{p_z} - p_z) \qquad (٢٢-٥)$$

أما الدقة فتحسب عن طريق تحويل معامل الانحدار إلى معامل الارتباط حسب الشكل التالي :

$$r_{Ap} = b_{Ap} (\sigma_p / \sigma_A)$$

Scanned with ACE Scanner

ليصبح شكل الدقة :

$$r_{AFZ} = r_{AZf} \cdot h_f \cdot h_2^2 \cdot (\sigma_f / \sigma_z) \cdot (\sigma_z / \sigma_f)$$

$$= r_{AZf} \cdot h_2 Z \qquad (٢٣-٥)$$

٥ - ٥ اختبار إنتاج الإخوة :

تعدّ الإخوة من وجهة نظر تربية الحيوان جزءاً ، مما يسمى بالأقارب الجانبيين . وهي تشترك مع حيوان العينة (الحيوان المرشح للتربية) بكلا الأبوين (أخوة أشقاء) ، أو بأبٍ واحد (أخوة أنصاف أشقاء) . وبناء على ذلك يبلغ معامل القرابة في الحالة الأولى $r = ٠,٥$ وفي الحالة الثانية $r = ٠,٢٥$. وفي هذا النوع من الاختبار يستخدم متوسط إنتاج مجموعة الإخوة كمقياس انتخابي للصفات التي لا تملك اختبار الإنتاج الخاص (لتقويم صفات الذبيحة مثلاً) ، كما يستعمل أيضاً بشكل مركب مع الإنتاج الخاص في حال توافره لحيوان التربية . أما بالنسبة لموعد توافر نتائج الأخوة لتنفيذ الاختبار فهو يتعلق بعمر الأخوة . وعادة ما تكون هذه النتائج جاهزة مع توافر نتائج الإنتاج الخاص ، كما يمكن لنتائج الأخوة أن تكون ضمن برنامج اختبار النسل لحيوانات التربية ، وبالتالي لا تسبب اختباراتها مزيداً من النفقات والتكاليف .

وبالنسبة لدقة الانتخاب التربوي حسب إنتاج الأخوة ، فهي تتعلق بدرجة القرابة وبعدد الأخوة . إلا أن درجة القرابة تسيطر ، لأنها في ظرف ما تضع حداً للدقة التي يمكن تحقيقها ، أما بالنسبة لتأثير عدد الأخوة ، فإن زيادة عدد

Scanned with ACE Scanner

مجموعات الأخوة يحسن من دقة الانتخاب ، وفي هذا الإطار يمارس الارتباط البيئي C2 بين الأخوة تأثيراً على الدقة ، إذ يزيد من التشابه بين الأخوة بشكل يتجاوز المتوقع على العوامل البيئية المنتظمة ، والتي لا يمكن فصلها على المركبات الوراثية التي تملكها الأخوة سوية ، وتجدر الإشارة إلى أن التشابه الناتج عن الآثار الوراثية غير التجمعية يتبع إلى C^2 (Flock وآخرون ١٩٧١) ، غالباً ما تظهر عند الأخوة الأشقاء .

إن معامل انحدار القيمة الوراثية للعينة على متوسط الأخوة الأشقاء يبلغ :

$$B_G \overline{VG} = cov (G , \overline{VG}) / \sigma^2 \overline{VG} \qquad (٢٤-٥)$$

وقيمة التباين المشترك (cov) بين حيوان العينة ومتوسط الأخوة الأشقاء تصل إلى $1/2\ \sigma^2 g$. أما بالنسبة إلى التباين المظهري لمتوسط الأخوة الأشقاء VG σ^2 فهو يشكل جزءاً من التباين المظهري للصفة ، لانخفاض التباين البيئي العشوائي عند تشكيل القيمة المتوسطة وتبلغ قيمته بالتالي :

$$\sigma^2 VG = [(1 + (n - 1) t) / n] \sigma^2 p \qquad (٢٥-٥)$$

إذ تعبر n عن عدد الأخوة الأشقاء

و t عن الارتباط بين الأخوة الأشقاء وهي تشير إلى مجموع التشابه للأخوة الأشقاء . أما قيمته فتبلغ $t = 1/2\ h^2 + C^2$.

عند استبدال التعابير في الشكل (٢٤ – ٥) بما يساويها ، يأخذ معامل الانحدار الشكل التالي:

$$B_{GVG} = (1/2\ \sigma^2_{gn}) / [1 + (n - 1) . t . \sigma^2_{p}] \qquad (٢٦-٥)$$

Scanned with ACE Scanner

وبتعبير آخر يستخدم فيه الـ h^2 يصبح :

$$B_{GVG} = (1/2\, h^2{}_n) / (1 + (n-1)\, t) \qquad (٢٧-٥)$$

ويعبر عن دقة التقدير للقيمة الوراثية بهذا الأسلوب بالشكل التالي :

$$Q_{GVG} = \sqrt{1/4\, h^2\, n / (1 + (n\ 1)\, t)} \qquad (٢٨-٥)$$

وإذا افترضنا عدم وجود تشابه بيئي بين الأخوة الأشقاء ($O = C^2$) ، عندئـذ يكتب معامل الارتباط كما يلي :

$$Q_{GVG} = \sqrt{1/4\, h^2\, n / (1 + (n-1)\, 0.5\, h^2)}$$

وعند استخدام الأخوة أنصاف الأشقاء تتبع الخطوات التالية :

إن معامل الانحدار لمتوسط الأخوة أنصاف أشقاء هو كما يلي :

$$B_{GHG} = cov(G, HG) / \sigma^2 G \qquad (٢٩-٥)$$

أما قيمـة $cov(G, HG)$ فهي $\sigma^2 g = 0.25$. و التباين σ^2_{HG} يساوي إلى :

$$\overline{\sigma^2_{HG}} = [(1 + (m-1)\, 0.25\, h^2) / m] \,.\, \sigma^2_p \qquad (٣٠-٥)$$

وعند استبدال التعابير بقيمتها تصبح قيمة معامل الانحدار كالتالي :

$$\overline{B_{GHG}} = 0.25\, h^2\, m / (1 + (m-1)\, 0.25\, h^2) \qquad (٣١-٥)$$

إذ تشير m إلى عدد الأخوة أنصاف أشقاء ، أما بالنسبة لمعامل الارتباط الذي يعبر عن الدقة فتبلغ قيمته :

$$Q_{GHG} = \sqrt{0.0625\, h^2\, m / (1 + (m-1)\, 0.25\, h^2)} \qquad (٣٢-٥)$$

Scanned with ACE Scanner

في الجداول (٢ – ٥) ، (٣ – ٥) تعرض الدقة للانتخاب حسب نتائج الأخوة الأشقاء ، وأنصاف أشقاء بعلاقة مع المكافئ الوراثي (h^2) ومع عدد الحيوانات أما بالنسبة لاختبار إنتاج النسل فسنفرد فصلاً منفرداً لأهميته الكبيرة في تقدير القيمة التربوية لحيوان التربية .

n	h^2					
	0.1		0.3		0.6	
	Abs.	Rel.	Abs.	Rel.	Abs.	Rel.
1	0.16	0.50	0.27	0.50	0.39	0.50
2	0.22	0.68	0.36	0.66	0.48	0.62
3	0.26	0.82	0.42	0.76	0.53	0.69
4	0.30	0.92	0.46	0.83	0.56	0.73
5	0.32	1.01	0.48	0.88	0.58	0.76
6	0.35	1.08	0.51	0.92	0.60	0.78
7	0.37	1.15	0.53	0.96	0.61	0.80
8	0.39	1.20	0.54	0.98	0.62	0.81
9	0.40	1.25	0.55	1.01	0.63	0.82
10	0.42	1.30	0.57	1.03	0.64	0.83
∞	0.71	2.21	0.71	1.28	0.71	0.92
	0.32	1.00	0.55	1.00	0.77	1.00

الجدول (٢ – ٥) دقة الاختيار التربوي حسب الأخوة الأشقاء .

Scanned with ACE Scanner

n	h^2					
	0.1		0.3		0.6	
	Abs.	Rel.	Abs.	Rel.	Abs.	Rel.
1	0.08	0.25	0.14	0.25	0.19	0.25
2	0.11	0.35	0.19	0.34	0.26	0.33
3	0.13	0.42	0.22	0.40	0.29	0.38
4	0.15	0.48	0.25	0.45	0.32	0.42
5	0.17	0.53	0.27	0.49	0.34	0.45
6	0.18	0.57	0.29	0.52	0.36	0.47
7	0.20	0.61	0.30	0.55	0.37	0.48
8	0.21	0.65	0.31	0.57	0.38	0.48
9	0.22	0.68	0.33	0.59	0.39	0.51
10	0.23	0.71	0.34	0.61	0.40	0.52
15	0.26	0.82	0.37	0.67	0.43	0.55
20	0.29	0.91	0.39	0.72	0.44	0.57
30	0.33	1.03	0.42	0.77	0.46	0.60
40	0.36	1.11	0.44	0.80	0.47	0.61
50	0.38	1.17	0.45	0.81	0.47	0.62
100	0.42	1.33	0.47	0.86	0.49	0.63
∞	0.50	1.56	0.50	0.91	0.50	0.65
	0.32	1.00	0.55	1.00	0.77	1.00

الجدول (٣ – ٥) دقة الاختيار التربوي حسب الأخوة أنصاف الأشقاء .

Scanned with ACE Scanner

الفصل السادس

تقديرِ القيمة التربوية

٦ – ١ تعريف القيمة التربوية .

٦ – ٢ المعارف والأسس اللازمة لتقدير القيمة التربوية .

٦ – ٢ – ١ نموذج تشكيل الصفات .

٦ – ٢ – ٢ العوامل الثابتة والعوامل العشوائية .

٦ – ٢ – ٣ أسس التقدير (Blue , Ml , Ls) .

٦ – ٣ المقاييس الضرورية لتقدير القيمة التربوية .

٦ – ٤ أهداف تقدير القيمة التربوية .

٦ – ٥ طريقة الـ Blup لتقدير القيمة التربوية .

Scanned with ACE Scanner

القيمة التر بوية
Breeding value

٦- ١ مقدمة :

يستخدم مصطلح القيمة التربوية لحيوان ما ، للإشارة إلى تأثيره الوراثي الذي يمارسه في أفراد نسله، فيستخدم إنتاج هذا النسل كتعبير عن القيمة التربوية للحيوان. و بناءاً على ذلك يمكن أن تسجل قيم تربوية إيجابية و أخرى سلبية ، و ذلك حسب تفوق أو تدني متوسط النسل بالنسبة لمتوسط العشيرة. و في إطار آخر ضمن هذا السياق يجب أن نميز بين القيمة التربوية العامة و الخاصة لحيوان التربية.فالقيمة التربوية العامة لحيوان التربية تشير إلى متوسط إنتاج أفراد نسله الناتجة عن تلقيح هذا الحيوان لإناث تمثل عينة عشوائية من عشيرة التربية ، و تبلغ قيمتها بالنسبة للصفة المدروسة في حيوان التربية ضعف متوسط انحراف النسل عن متوسط العشيرة، لأن النسل يحصل على نصف مورثاته من حيوان التربية. أما النصف الآخر، فيعتبرعينة عشوائية من مورثات العشيرة.

أما بالنسبة للقيمة التربوية الخاصة فيقصد بها متوسط أفراد نسل حيوان التربية الناتجة عن تلقيح هذا الحيوان لمجموعة مميزة من أفراد العشيرة ، فهي لا تمثل بذلك مجموع العشيرة ، لذلك لا يمكن الاستفادة من القيمة التربوية الخاصة إلا من خلال تكرار شركاء التلقيح نفسه ، فهو لا يصلح لأي تكاثر في العشيرة.

في دراستنا التالية، و عند الحديث عن القيمة التربوية فالمقصود القيمة التربوية العامة فقط ، فهي تصلح لتوقع إنتاج النسل في حال التزاوج العشوائي في عشيرة التربية.

Scanned with ACE Scanner

إن المربين لا ينتظرون حتى الحصول على نتائج أفراد النسل، و ذلك لاتخاذ قرارهم بانتخاب أو استبعاد الحيوان المرشح للتربية، بل يلجؤون إلى تقدير القيمة التربوية بناءً على القيم المسجلة من حيوان التربية أو من أفراد أقارب. و لتقدير القيمة التربوية توجد عدة طرائق متشابهة من إذ هدفها المحدد بتقدير القيمة التربوية الحقيقية لمتغير عشوائي ما بدقة كبيرة ، إلا أن فعالية استخدامها تتطلب توافر معارف كثيرة تختلف من أسلوب لآخر. و الأسلوب لا يستخدم فقط للكشف عن القيمة التربوية للحيوان فقط، و إنما أيضاً لتقدير إنتاج الموسم القادم لأحد الحيوانات على سبيل المثال.

٦- ٢ المعارف و الأسس اللازمة لتقدير القيمة التربوية :

٦-٢-١ نموذج تشكيل الصفات:

إن صياغة ما يسمى بـــ نموذج تشكيل الصفة يعدّ المبدأ الأساسي عند تقدير كل مقياس. و هذا النموذج يتطابق مع النظرية حول الأسباب المؤدية أو المشاركة في تحقيق قيم الصفات ، كما أنه يمكّـــن إجراء التحليلات الإحصائية بواسطة الحاسوب. أما بالنسبة للمعايير الواجب أخذها بالحسبان بصورة خاصة عن تركيب نموذج الصفة ، فسنتناولها من خلال سردنا للمثال التالي:

يراد إجراء مقارنة بين ثلاث سلالات من الأبقار، و ذلك بالنسبة لصفة متوسط كمية الحليب في دقيقة حلب واحدة. إن القيم المظهرية لهذه الصفة أخذت من سجلات الاختبارات الحقلية. أما نموذج تشكيل الصفة المناسب لهذا المثال، فهو الشكل(٦ -١)

Scanned with ACE Scanner

$$Yij = \mu + \alpha i + \beta(Xij - \bar{X})eij \qquad (١-٦)$$

الرموز تشير إلى الدلالات التالية:

Y_{ij}= قيمة متوسط كمية الحليب المسجلة في الدقيقة الواحدة للبقرة j من السلالة I

μ =القيمة المتوقعة لـ Yij عندما تكون العوامل المراعاة من النموذج تساهم من خلال متوسط تأثيرها

Ai متوسط أثر السلالة I الذي لا يمكن تفسيره من خلال μ

X_{ij}= قيمة كمية الحليب المسجلة من البقرة j من السلالة I

$\bar{X}$ = القيمة المتوسطة للعينة العشوائية

β = معامل الانحدار الخطي لمتوسط كمية الحليب في الدقيقة (Y) على كمية الحليب (X)

e_{ij} = مجموع العوامل المتبقية التي تساهم في تشكيل الـ Yij ، و التي لا يمكن الكشف عنها و تقديرها.

هذا و يصنف الشكل الرياضي (١-٦) تحت النماذج الخطية لتشكيل الصفات التي تتميز بأنها تصف القيمة المظهرية المدروسة من خلال تركيب خطي للعوامل المراعاة في النموذج. و نتيجة لمزاياه الحسابية المناسبة، يستخدم هذا النموذج الخطي للصفة بشكل واسع في التطبيقات و الأعمال الحقلية.

Scanned with ACE Scanner

٦ -٢-٢ العوامل الثابتة و العوامل العشوائية:

إن العوامل المرعية في نموذج تشكيل الصفة تتوزع بين عوامل ثابتة و أخرى عشوائية، و لا توجد قاعدة ثابتة لهذا التوزيع، بل يتم استنتاجها من الهدف المحدد لتحليل النتائج ، فعندما تتركز أهداف الدراسة على كشف تأثير مستوى (أو مرحلة محددة) أحد العوامل (كتأثير المحطة أ و المحطة ب) عندئذ نأخذ بالحسبان فقط هذه العوامل في طريقة البحث أو سحب العينات، و توصف بالعوامل الثابتة. أما إذا كان هدف تجربة ما هو تقدير متوسط كل مستويات عامل ما من المتغيرات العشوائية، عندئذ تعدّ المراحل المراعاة عينة عشوائية للحصول على نتائج تمثل المجموع، و توصف مراحل هذا العامل بالعوامل العشوائية.

بشكل عام يكون من المفيد تقدير المقاييس المركزية (القيمة المتوسطة) فقط بالنسبة للعوامل الثابتة، في حين يكون تقدير مقاييس التوزيع أو التشتت (تباين و تباين مشترك) الأهم بالنسبة للعوامل العشوائية.

إن النماذج التي تحتوي على عوامل ثابتة و أخرى عشوائية بالإضافة إلى كل من μ و e تسمى النماذج الخليطة Mixed Models. و يلعب هذا النوع من النماذج دوراً مهماً في تقدير القيم التربوية و مكونات التباين و التباين المشترك.

٦ – ٢– ٣ أسس التقدير (Blue, ML,Ls)

لتقدير المقاييس لا يوجد ما يدعى بالطريقة الأفضل بشكل عام. فالطرائق المستخدمة حالياً تختلف ، فيما بينها سواء في الشروط الضرورية لاستخدامها الصحيح و كذلك في صفات القيم المقدرة الناتجة عنها.

Scanned with ACE Scanner

- طريقة Ls (Method of least squares) أصغر مربع

تعد النظرية الإحصائية لهذه الطريقة أقدم أسلوب لتقدير مقاييس العشيرة ، و تعود إلى Legender (١٨٠٦) و Gauss (١٨٠٩). إن القاعدة الأساسية لهذه الطريقة تنص على وجوب اختيار القيم التي تقلل مجموع مربعات الآثار المتبقية إلى أدنى حد، كقيم تقدير للمقاييس المدروسة.

- طريقة الأرجحية العظمى (ML)

إن الفكرة الأساسية لهذه الطريقة تعود إلى القرن ١٨. أما مبدأها فهو اختيار المقاييس (لقيم تقديرية) التي تزيد احتمال ظهور نتائج العينة إلى أعلى حد ممكن ، لذلك يجب أن يكون توزيع الاحتمالات للمعطيات المدروسة معروفاً عند استنتاج شكل التقدير المناسب.

- طريقة Blue (Best Linear Unbiased Estimation) أفضل تقدير خطي غير منحاز:

إن القيم التقديرية التي تحسب من خلال تركيب خطي لكل القيم المدروسة و تملك صفتي ثقة التوقع و التباين الأقل توصف بالقيم التربوية Blue.

فالقيمة المقدرة p^ تكون للمقياس p ثقة توقع (غير منحاز) إذا كانت p = E(p^) [E(p^) = قيمة متوقعة لـ p^]، وهي قيمة متوسطة حسابية مفترضة لأعداد غير نهائية من قيم التقدير العينة العشوائية. في هذه الحالة تكون الانحرافات الإيجابية أو السلبية بين p^، p احتمالات، أي بما معناه أن كل خطأ قياس عائد للصدفة فقط.

Scanned with ACE Scanner

إن مصطلح الأفضل "Best" في التقديرات الموثوقة التوقع يكون عنصر يتحقق أن $E[\hat{p} - E(\hat{p})]2$ = $\hat{p}$ الحد الأدنى (أقل تباين لـ $\hat{p}$) ، و أن القيم المقدرة ذات ثقة التوقع تنطبق على $E(\hat{p})=p$. فهذا يعني أن التباين الأدنى تباين خطأ $E(\hat{p}-p)2$ = حد أدنى

و تجدر الإشارة إلى أن ما ورد سابقاً في هذه الفقرة هو استعراض سريع و تعريف موجز للمصطلحات المذكورة. و يستطيع المهتمون بهذه المواضيع الإحصائية الرجوع إلى المراجع العلمية المختصة المبينة في فقرة المراجع العلمية.

٦ – ٣ المقاييس الضرورية لتقدير القيمة التربوية:

في الوراثة الكمية يعبر عادة عن النموذج المظهري للحيوان بالشكل التالي

$$P=M+A+E$$

إذ تشير P إلى النموذج المظهري phenotype ، و A إلى القيمة الوراثية التجميعية، و E إلى التأثيرات البيئية الوراثية السيادية و التفوقية. إذا اخترنا حيواناً ما بشكل عشوائي من العشيرة، فإنه يمكن قبل الاختيار إطلاق جملة من الاحتمالات حول E,A,P . فهذه العوامل تصف متغيرات عشوائية في النموذج. و لشرح المقاييس الضرورية هنا نستخدم المثال التالي:

لنفترض لدينا حجري نرد نظاميين، نرمز للأول بـ A و للآخر بـ E و يرمز بـ P لمجموع العيون الناتج عن رميهما في الوقت نفسه و تتحدد وظيفة اللاعب هنا بتخمين عدد عيون حجر النرد A بدقة كبيرة. و يستعرض في الجدول (٦-١) احتمالات النتائج الممكنة

Scanned with ACE Scanner

إن $f_{Ap}(A,P)$ تشير إلى التوزيع المشترك

و $f_A(A)$ على التوزيع الخاص بـ A

و $f_P(P)$ على التوزيع الخاص بـ P

لو افترضنا في تجربة ما كانت P (مجموع عيون الحجرين) تساوي إلى العشرة و يراد في هذه التجربة تقدير قيمة A ، فمن خلال مراجعتنا للجدول السابق نلاحظ أن A تأخذ فقط القيم ٤و٥و٦. ذات الاحتمال المتساوي و البالغ ٣/١. و للتعبير عن القيمة التقديرية لـA يمكن أخذ متوسط القيم الثلاث او القيمة الوسطى بينهم ، و في المثال المذكور نلاحظ تسجيل القيم نفسها للاعتبارين.

إن الاحتمال للقيم المختلفة لـA حسب قيمة مفترضة لـP يسمى بالاحتمال المشترط و يعبر عنه كالتالي:

(٦ - ٥)

$$f_{AP}(A/P)= f_{AP}(A;P)/f_P(P)$$

و بالنسبة لمثالنا المفترض فإن:

$$f_{A/P}(A=5/P=10)=f_{Ap}(A=5;P=10)/f_P(P=10)=\frac{1/36}{3/36}= 1/3$$

-إن القيمة المتوسطة لـA بالنسبة لـP المفترضة ذات أهمية خاصة في دراستنا ، و تحسب هذه القيمة المتوسطة المشترطة كالتالي:

$$E(A/P) =\Sigma\ A\ f_{A/P}\ (A/P) \qquad (٦-٦)$$

إذ تشير Σ هنا إلى المجموع الناتج عن كل القيم الممكنة لـA.

Scanned with ACE Scanner

P+

	1/36	2/36	3/36	4/36	5/36	6/36	5/36	4/36	3/36	2/36	1/36	
6	0	0	0	0	0	1/36	1/36	1/36	1/36	1/36	1/36	1/6
5	0	0	0	0	1/36	1/36	1/36	1/36	1/36	1/36	0	1/6
4	0	0	0	1/36	1/36	1/36	1/36	1/36	1/36	0	0	1/6
3	0	0	1/36	1/36	1/36	1/36	1/36	1/36	0	0	0	1/6
2	0	1/36	1/36	1/36	1/36	1/36	1/36	0	0	0	0	1/6
1	1/36	1/36	1/36	1/36	1/36	1/36	0	0	0	0	0	1/6
	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	

A

+A

P

جدول (٦-١) احتمالات النتائج الممكنة لـ P,A

(A تشير إلى عدد عيون حجر النرد A، و P تشير إلى عدد عيون كلا حجري النرد)

في هذا الجدول تسجل أيضاً الاحتمالات المشتركة لـ P,A . فيبلغ مثلاً احتمال ظهور الأربع عيون في الحجر A، و أن تكون P مساوية إلى السبعة، مقدار ١/٣٦ . أما التشكيلة A=4 و P =3 غير ممكنة ، لذلك يكون احتمالها الصفر، و يكتب هذا الاحتمال المشترك على الشكل التالي:

(٦ - ٢)

$$P(A=4,P=7) = f_{AP}\ (A=4;\ P=7)$$
$$= f_{AP}(4;7) = 1/36$$

و الجانب الأيمن من الجدول يظهر احتمالات مختلفة أعداد حجر النرد A بينما تسجل في الجهة العلوية الاحتمالات المختلفة لـ P. و بناء عليه فإن:

$$f_A(A=3) = \sum_{K=1}^{12} f_{AP}\ (A=3,P=K) \qquad (٦ - ٣)$$

$$f_P\ (p+10+= \sum_{K=1}^{6} f_{Ap}(A=K,P=10) \qquad (٦ - ٤)$$

Scanned with ACE Scanner

القيمة المتوقعة لـــA:

$$E(A)=\sum_{K=1}^{6} f_A(A=K)=3.5 \qquad (٦-٧)$$

تباين الـــA: يشير إلى متوسط مربع الانحراف:

$$Var(A)=\sum_{K=1}^{6} [A-E(A)^2 f_A(A=K)=17.5/6=2.9166 \qquad (٦-٨)$$

و بشكل مماثل نستعرض القيم الخاصة بـــ P

- القيمة المتوقعة لـــ P

$$E(P)=\sum_{K=1}^{12} f_P(P=K)=7.0 \qquad (٦-٩)$$

تباين الـــP

$$Var(P)=\sum_{K=1}^{12} [K-E(P)]^2 f_P(P=K)=5.8333 \qquad (٦-١٠)$$

كما يوجد مقياس للعلاقة بين A,P و هو التباين المشترك covariance و يعرف على الشكل التالي:

$$\mathbf{Cov(A,P)=}$$
$$\mathbf{=\sum_{\substack{K=1\\1}}^{6}\ \sum_{\substack{K=1\\2}}^{12} [K_1-E(A)][K_2-E(P)]f_{AP}(A=K_1,P=K_2)=2.9166} \qquad (٦-١١)$$

وبالعلاقة مع التباين المشترك يوجد مقياسان هامان هما:

-الارتباط بين P.A

$$Q_{AP}=\frac{\mathrm{cov}(A,P)}{\sqrt{[\mathrm{var}(A).\mathrm{var}(P)]}}=0.707 \qquad (٦-١٢)$$

Scanned with ACE Scanner

معامل الانحدار A على P

$$B_{A/P}= cov(A,P)/var(P)= 0.5 \qquad (١٣ - ٦)$$

كما يمكن أن نلاحظ أن:

$$E(A/P)=Ee(A)+B_{A/P}[P-E(P)] \qquad (١٤ - ٦)$$

و بالنسبة لمثالنا المذكور إذ p = ١٠ فإن:

$$E(A/P)=10)= 3.5+0.5(10-7)=5.0$$

في موضوع تقدير القيمة التربوية ، فإن كل من E,A لا يملكان نفس توزيع العيون ، كما هو الحال في حجر النرد، و إنما يصف المتغير العشوائي A القيمة التربوية في حين يصف E العوامل المؤثرة الأخرى(البيئة و السيادة و التفوق) ، أما P فهي ترمز إلى النموذج المظهري المدروس للصفة أو الحيوان.

في الحالات البسيطة يشترط أن يتبع المتغير العشوائي A سلوك التوزيع الطبيعي، الذي يتصف بأن القيمة المتوسطة μ فيه تساوي الصفر و التباين فيه σ_A^2 . و يعبر عن ذلك بالرمز التالي:

$$A\sim N(0, \sigma^2_A)$$

و بالشيء بنفسه نعبر عن المتغير E

$$E\sim N(0, \sigma^2_E)$$

كما يشترط في هذا الإطار عدم وجود علاقة بين A,E أي أن التباين المشترك cov(A,E) يساوي إلى الصفر.

إن استنتاج صفات من مركبات النموذج المظهري P=μ+A+E و بالنسبة لتقدير القيمة التربوية تحتل القيمة المتوقعة لـ A بالنسبة لقيمة P المفترضة أهمية كبيرة. و يعبر عنها في حالة التوزع الطبيعي من خلال الشكل التالي:

Scanned with ACE Scanner

$$E(A/P=E(P)+cov(A,P)var(P)^{-1}[P-E(P)]$$

(٦ - ١٥)

إن هذه القيمة المتوقعة المشترطة E(A/P) تعدّ قيمة تقديرية للقيمة التربوية الحقيقية لأحد الحيوانات، و تشير نتائج مجموعة دراسات في مجال التربية إلى أن التفوق الوراثي عند شدة انتخابية ما يكون في أعلى قيمة، و ذلك عندما يتم انتخاب الحيوانات انطلاقاً من القيم المتوقعة المشترطة. و لأن القيم المقدرة تعلّم بإشارة (^) فيمكن التعبير عن القيمة المقدّرة للقيمة التربوية بالشكل التالي:

$$\hat{A}=E(A/P)=E(A)+cov(A,P)var(P)^{-1}[P-E(P)]$$

و نذكر فيما يلي بعضاً من صفات $\hat{A}$:

$$E(\hat{A})=E(A)$$

$$Var(\hat{A})= cov(A,P)var(P)^{-1} cov(P,A)$$

$$Cov(\hat{A},A)=cov(A,P)var(P)^{-1}cov(P,A)$$

$$Q_{\hat{A}A}=cov(\hat{A},A)/\sqrt{[var(\hat{A}).var(A)]}$$

$$E(A/\hat{A})=E(A)+cov(A, \hat{A})\ var(\hat{A})^{-1}[\hat{A}-E(\hat{A})]=$$

$$= E(A)A+[\hat{A}-E(\hat{A})]= \hat{A}$$

$$Var(a/\hat{A})= var(A)-cov(A, \hat{A})var(\hat{A})^{-1}cov(\hat{A},A)=$$

$$= var(A)[1-Q^2_A\hat{A}]$$

بناءً على ما سبق ، فإن استخدام هذه الطرائق المخططة يتطلب توافر معلومات حول cov(A,P) و var(P) و E(P) . لكن و للأسف لا تتوافر غالباً هذه المعلومات. و إذا توافرت أو توافر لها قيم تقديرية يكون الحديث عندئذ عن أفضل تقدير. أما إذا كانت المعلومات المتوافرة تخص فقط كل من

Scanned with ACE Scanner

حينئذ نلجأ إلى طريقة الـــBlup (التـــي سنستعرضـــها لاحقاً) لتقدير كل من E(A) ، E(P) ، A المجهولة. و إذا كانت قـــيم التبـــاين المشترك و التباين للعشيرة الخاضعة ، لا بد من الإشارة إلى بعـــض القواعـــد الضرورية للعمل مع القيم المتوقعة و التباين . بافتراض أن:

$X \sim N(\mu_X, \sigma^2_X)$; $Y \sim N(\mu_Y, \sigma^2_Y)$

فإنه يصح للشكل: $Z=K_1X+K_2Y$

الاعتبارات التالية:

$$E(Z)= E(K_1X+K_2Y)=K_1 \mu_X+K_2\mu_Y$$

$$Var(Z)=var(K_1X+K_2Y)$$

$$=K^2_1\sigma^2_x+K_2^2\ \sigma^2_y+2K_1K_2\ \sigma_{xy}$$

$$cov(Z,X)= cov(K_1X+K_2Y)$$

$$= cov(K_1X,X)+cov(K_2Y,X)=K_1\ \sigma^2_X+K_2\ \sigma_{XY}$$

$$Z \sim N[E(Z),var(Z)]$$

عمد استعمال هذه القواعد يصبح من السهل الاستنتاجات التالية لـــ P

$E(P)= \mu$; $var\ (P) = \sigma^2_{(A)}+ \sigma^2_E + \sigma^2_E + \sigma^2_P$

$Cov(A,P)= \sigma^2_A$ $\quad \beta_{A/P}= \sigma^2_A/ \sigma^2_P = h^2$

$Q_{AP} = \sqrt{h}^2$

إن كل من المتغيرات P,A يسلكان سلوك التوزيع الطبيعي ذات المواصفات:

$A \sim N(0, \sigma^2_A)$

$P \sim N(\mu , \sigma^2_P)$

$Cov(A,P) = \sigma^2_A$

و يمكن اختصار هذه التعابير باستخدام طريقة المصفوفات التالية:

Scanned with ACE Scanner

$$\begin{pmatrix} a \\ p \end{pmatrix} \approx N\left[\begin{pmatrix} o \\ \mu \end{pmatrix}; \begin{matrix} \sigma^2 A \sigma^2 A \\ \sigma^2 A \sigma^2 p \end{matrix}\right)$$

لأعمال التربية غير معروفة، فيجب العمل على تقديرها من خلال تحليل
المعطيات المتوافرة و مقارنتها بالقيم المتوافرة بالمراجع العلمية، ثم تستخدم هذه
لقيم المقدرة في طريقة الـــBlup.

٦ – ٤ أهداف تقدير القيمة التربوية:

إن تقدير القيمة التربوية يهدف غالباً لتحقيق الغرضين التاليين:

١. انتخاب أو استبعاد حيوان ما من عملية التحسين الوراثي بناءً على
قيمته التربوية المقدرة.

٢. التنبؤ عن النجاح التربوي المتوقع انطلاقاً من القيمة التربوية المقدرة.

و نستخدم النقطة الثانية كأساس للمقارنة بين طرائق انتخاب مختلفة و سنشرح
لنقاط السابقة من خلال المثال التالي:

لنفترض أنه يتوافر لدينا عدد كبير من الأبقار الحلوب في موسمها الإنتاجي
الأول في إحدى محطات الأبحاث، و تتوافر لها المعايير التالية:

$E(A)= 0, E, E(P)= 6000$

$Var(A)= cov\ (A,P) = 500^2, var(P)= 1000^2$

$$\begin{bmatrix} A \\ P \end{bmatrix} \sim N\left[\begin{bmatrix} 0 \\ 6000 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} 250000 & 250000 \\ 250000 & 1000000 \end{bmatrix}\right]$$

و من هذا ينتج أن :

Scanned with ACE Scanner

$$\hat{A} = E(A/P)$$
$$= E(A) + \text{cov}(A,P)\ \text{var}(P)^{-1}\ [P - E(P)]$$
$$= 0 + (\sigma^2_g / \sigma^2_p)\ [P - 6000] = h^2[P - E(P)]$$

ذات الصفات

$E(\hat{A}) = 0$ (متوسط القيم المقدرة يساوي الصفر)

و $\text{var}(\hat{A}) = h^2 . \sigma^2_A = 62500$

و كذلك $\text{cov}(\hat{A}, A) = h^2 . \sigma^2_A = 62500$

الارتباط $Q_{\hat{A}A} = \sqrt{h^2}$

$$\sigma_{\hat{A}} = Q_{AA} . \sigma_A$$

لو أخذنا من هذه العشيرة مجموعة من الحيوانات تملك إنتاجاً مظهرياً مقداره ٧٠٠٠ كغ من الحليب فإن قيمتها التربوية المقدرة هي:

$$\hat{A} = h^2(7000-6000) = 250 \text{ كغ}$$

و بناءً على ذلك ، فإن متوسط القيم التربوية الحقيقية هو أيضاً ٢٥٠ كغ. أما تباين القيم التربوية الحقيقية ، فيبلغ في هذه المجموعة:

$$\text{var}(\hat{A}/A) = \text{var}(A)\ [Q^2_{\hat{A}A} - 1] = 250000\ [0.25-1] = 187500$$

أي أن ٩٥% من هذه الحيوانات تقع قيمتها التربوية في المجال الممتد من ٥٩٨,٧ و حتى ١٠٩٨,٧ كغ. أما ٥% من بقية الحيوانات فهي تتوزع بنسبة ٢,٥% تفوق قيمتها التربوية الـ ١٠٩٨,٧ و بنسبة ٢,٥% تتدنى قيمتها التربوية عن ٥٩٨,٧ كغ.

Scanned with ACE Scanner

لو انتخبنا أفضل ١٠% من الحيوانات المختبرة عندئذٍ سيكون تفوق الحيوانات المختبرة في القيمة التربوية المقدرة:

$$E(\hat{\wedge}s)= I(10\%)Q\hat{\wedge}\wedge\sigma_{\wedge}= 1.755 \cdot 0.5 \cdot 500 = 438.75$$

و لأن $A=E(A/\hat{\wedge})$ ، و ينتج لدينا أن

$$G\Delta= E(As)= E(\hat{\wedge}s) = 348.75 \text{ kg}$$

نلاحظ في هذا المثال أن تقدير القيمة التربوية لم يكن ضرورياً للانتخاب. فالانتخاب على أساس القيم المظهرية يؤدي إلى اختيار الأبقار نفسها و بالتالي إلى النجاح الانتخابي نفسه ، لتقدير القيمة التربوية لعشيرة الحيوانات، نرمز للقيمة التربوية الحقيقية بالعامل W ، أي أن Wi تصف القيمة الحقيقية للفرد i. و بافتراض التوزع الطبيعي تستخدم لها المعايير التالية:

$$E(W)= \mu_w = Pb$$
$$Var\ (W) = V_w$$

أما بالنسبة للإنتاج المظهري المتوافر فيرمز له بالعامل Y، و بافتراض التوزع الطبيعي تستخدم له المعايير التالية:

$$E(Y)= \mu_w= Xb$$
$$Var(Y) = V_y$$

بالنسبة للتغاير بين العامل Y,W يعبر عنه بالتالي:

$$V_{wy}= E[W-E(W)]\ [\ Y-E(Y)]$$

و القيمة المتوقعة المشترطة لـــW بالنسبة لعامل مفترض من Y هو:

$$E(W/Y) = E(W)+ V_{wy}\ V_Y^{-1}\ [\ Y-E(Y)]$$
$$Var\ (W/Y)= V_w- V_{wy}\ V_y^{-1} V_{yw}$$

و تؤخذ $E(W/Y)$ كقيمة تقديرية للقيمة التربوية ، طالما كانت $E(W)$ و $E(Y)$ معروفتين. و في حال كانتا مجهولتين، يتم تقديرهما بواسطة طريقة أقل المربعات المعروفة:

Scanned with ACE Scanner

$XV`_Y{}^{-1}X\hat{}_b = XV`_y{}^{-1}Y$

عندئذ تكون القيمة التربوية:

$\hat{W} = P\hat{}_b + V_{wy}V_Y{}^{-1}\ [\ Y - X\hat{}_b]$

إن العامل W غالباً ما يجزأ إلى:

$W + E(W) + [W - E(W)] = Pb = u$

و بالتالي ، فإن نموذج Y هو :

$Y = Xb + Zu = e$

و بهذا فإن:

$Xb = E(Y)$

$Var(Zu+e) = var\ (Y)$

$Var\ (Y) = Zvar(u)\ Z` + var\ (e) + Z\ cov\ (u,e`) + cov\ (e,u`)Z` =$

$ZV_uZ` + R + Z\ cov(u,e) + cov\ (e,u`)Z$

غالباً ما يفترض أن التغاير بين الآثار الوراثية u و العوامل البيئية e يساوي إلى الصفر و بالتالي يبسط التباين إلى الشكل التالي:

$Var\ (Y) = ZV_uZ` + R$

من وجهة نظر جبرية يمكن استخدام بدلاً من المعادلتين (معادلات Blup)

$XV`_Y{}^{-1}X\hat{}_b = XV`_y{}^{-1}\ Y$

$\hat{}_w = P\hat{}_b + V_{wy}V_y{}^{-1}\ [\ Y - X\hat{}_b]$

نظام المعادلات التالية في حال صلاحية (cov (u,e`) =الصفر

معادلات النموذج الخليط

و يسمى هذا النظام من المعادلات معادلة النموذج الخليط (Mixed Model Equation) ، و تسهل في كثير من الحالات عملية الحساب .

Scanned with ACE Scanner

٦ ـ ٥ استنتاج طريقة الـ Blup لتقدير القيمة التربوية

يشير مصطلح الـBlup إلى التعبير التالي Best Linear Unbiased Predation أي أفضل تنبؤ خطي غير المنحاز. إن استنتاج هذا الأسلوب يقوم على المتطلبات التالية:

- يجب أن تكون القيمة المقدرة وظيفة خطة لكل القيم المدروسة أي $W^{\wedge} = m'Y$
- أن يتطابق متوسط القيم المقدرة مع القيم الحقيقية أي: $E(W^{\wedge}) = E(W)$
- أن يكون التباين الخطأ في حدوده الدنيا أي أقل حد ممكن $E(W^{\wedge}-W)^2$

فإذا تم تقدير القيم المذكورة نحصل عندئذ على معادلات الـBlup حسب الفقرة السابقة.

•استخدامات تقدير القيمة التربوية مع مراعاة خاصة للآثار العشوائية:

مثال: في إحدى محطات تربية الأبقار ولدت مجموعة من الأبقار عددها n بالوقت نفسه ، و لا يتوافر حول هذه الأبقار معلومات سوى نتائج موسمها من الحليب و لأنه لا تربط فيما بينها أي علاقة قرابة. إن النموذج للمشاهدات يكون حسب أسلوب المصفوفات كالتالي:

$$Y = Xb + Zu + e$$
$$= 1u + IA + e$$

و بالنسبة لمعايير هذا النموذج تصلح الاعتبارات التالية:

$E(A)$= الصفر، $E(e)$= الصفر، و بالتالي $1u = EY$

و هنا يعبر A عن القيمة التربوية أي:

Scanned with ACE Scanner

$$Vu = var\ (A) = I\ \sigma\hat{}_{\Lambda}$$
$$R = var\ (e^{9}) = I\ \sigma^2_e$$

و بهذا يكون التباين:

$$VY = Var\ (Y) = Zvar(u)Z` + R = I\ \sigma^2_A + I\ \sigma^2_e = I\ \sigma^2_{\Lambda}$$
$$VuY = cov\ (u,Y`) = var\ (u)\ Z` = I\ \sigma^2_A$$

إن الشكل العام لدالة التقدير هو:

$$B\hat{} = (x`V_Y^{-1}x)^{-1}X^0V_Y^{-1\ Y}Y =$$
$$= \mu\hat{} = (1`1 / \sigma^2_P)^{-1}\ 1`\ Y / \sigma^2_P = 1`Y/n$$

كما هو متوقع ، فإن القيمة التقديرية لـــ μ هو المتوسط الحسابي للمشاهدات.

أما دالة التقدير العامة لـــ W هي:

$$W\hat{} = Pb\hat{} + VuYV_Y^{-1}\ (Y = X\hat{}b)$$
$$A\hat{} = 0 + I\ \sigma^2_A\ I\ \sigma^2_P{}^{-1}\ (Y - 1\mu) = \mu`\ (Y - 1\mu\hat{})$$
$$= h^2\ (Y - 1\mu\hat{})$$

مما سبق نلاحظ أنه عند ترتيب الحيوانات انطلاقاً من $A\hat{}$ فإن قـيم $\mu\hat{}$ لا تلعب دوراً في هذا ، كما لا يؤثر هنا فيما إذا كانت قيمـــة μ معروفـــة أو مقدرة. في الجزء العملي لهذا المقرر توجد أمثلة محلولة عديدة لتوضيح هـذا الموضوع.

Scanned with ACE Scanner

الفصل السابع

الانتخاب the selection

٧-١ الانتخاب في التحسين الوراثي .
٧ - ٢ الأسس الوراثية للانتخاب .
٧ - ٣ النموذج الوراثي البسيط للعشيرة .
٧ - ٤ النموذج الوراثي الموسع للعشيرة
٧ - ٥ الانتخاب الموجه في حالة التوزع الطبيعي.
٧ - ٦ النجاح الانتخابي المباشر وغير المباشر .
٧ - ٧ الانتخاب الثابت .

Scanned with ACE Scanner

الانتخاب
the selection

٧-١ الانتخاب في التحسين الوراثي :

إن وظيفة الانتخاب في التحسين الوراثي هي إعداد الطرائق المناسبة لتغيير العشيرة الحيوانية حسب أهداف التربية المحددة ، وذلك من خلال أقصر فترة زمنية ممكنة . ولتحقيق ذلك يجب على المربين تقويم الحيوانات ، ومن ثم انتخابها وتنظيم تناسلها بعد ذلك . فالتقويم والانتخاب وتنظيم التناسل هي المراحل الأساسية لكل عمل تربوي ، ويعبر عن التغيير الوراثي الحاصل في العشيرة لإنجاز أهداف التربية بالنجاح التربوي،وهذا الأخير يمكن تحقيقه من خلال الأسلوبين التاليين :

١- استغلال التباين الوراثي داخل العشيرة الحيوانية الذي يؤدي خلال تعاقب الأجيال إلى ما يسمى بالنجاح الانتخابي التراكمي .

٢- استغلال التباين الوراثي الناتج عن الخلط بين عشائر حيوانية مختلفة.فهذا الأسلوب يعمل ، بالإضافة إلى تحقيق نجاح تربوي كبير نسبياً (أثر الخلط) ، على زيادة التباين الوراثي في العشيرة المتشكلة من عملية الخلط . هذا التباين الجديد يشكل مرة أخرى أساساً للعمل التربوي حسب الأسلوب الأول.

إن **الانتخاب المستمر ولأجيال عديدة يؤدي إلى تقليل التباين الوراثي** بين أفراد العشيرة . وهذه المسألة تستدعي زيادة التباين من خلال عملية الخلط

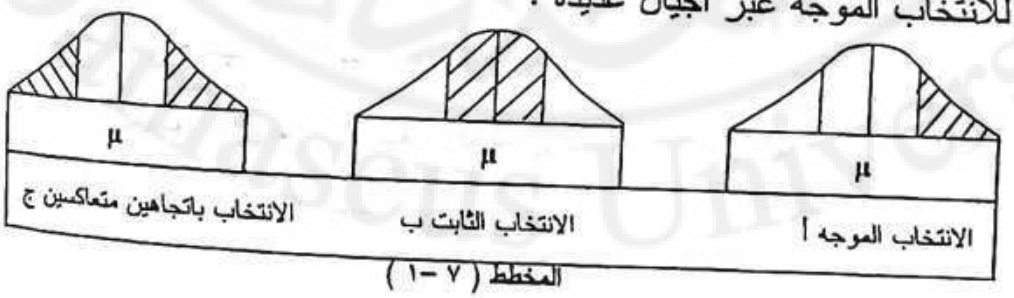
Scanned with ACE Scanner

، وبناء على ما سبق فإننا لا نستطيع الفصل بين الأسلوبين ، لأنهما يشكلان في التحسين الوراثي لعشائر الحيوانات ما يسمى بالوحدة الجدلية .

في هذا الفصل يسلط الضوء على أسس وراثة العشائر للانتخاب الموجه ، لكونه الأسلوب الرئيس في الاستفادة من التباين الوراثي في إحدى العشائر ، كما يعدّ الموضوع الأساسي عند العمل مع ما يسمى بالحيوان النموذج . وبالنظر إلى الأسلوبين المذكورين سابقاً ، فهو يصلح للاستفادة من التباين الوراثي داخل العشيرة الواحدة ، وكذلك في الانتفاع من التباين الوراثي الناتج عن الخلط بين العشائر المختلفة.

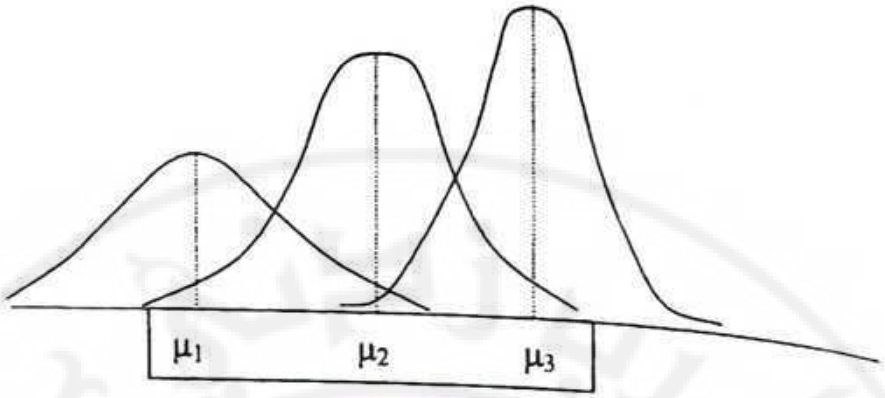
٧ - ٢ الأسس الوراثية للانتخاب :

إن للانتخاب أشكالاً عديدة وذلك حسب استعماله والغاية منه ، فهناك الانتخاب الموجه والانتخاب الثابت والانتخاب باتجاهين مختلفين ، ففي حين تحدد مهمة الانتخاب الموجه بإزاحة القيمة المتوسطة للعشيرة بشكل يحقق الأهداف التربوية ، يعمل الانتخاب الثابت على خفض التباين داخل العشيرة . أما الانتخاب باتجاهين متعاكسين يقسم العشرية إلى قسمين متناقضين بما يخص مظهر الصفات كما يوضح ذلك المخطط (٧-١) بيانياً . وفي مجال آخر يشير المخطط (٧-٢) إلى انخفاض التباين من خلال الاستخدام المستمر للانتخاب الموجه عبر أجيال عديدة .



المخطط (٧-١)

Scanned with ACE Scanner



جدول(٧-٢) انخفاض التباين من خلال الاستخدام المستمر للانتخاب الموجه عبر أجيال عديدة

إن فترة الجيل الطويلة في الحيوانات الزراعية (الأبقار والأغنام والماعز ...) لا تمكن من متابعة تأثير الانتخاب ، إلا لعدد قليل من الأجيال . والتغيرات الوراثية الحاصلة بعد عدد من الأجيال ، والتي يعبر عنها مظهرياً ، لا يمكن تحديدها بدقة في تجارب على هذه الحيوانات . لذلك تكون الحيوانات النماذج (مثل الفئران والهامستر و الجرذان ..) الأنسب لقصر فترة جيلها علاوة على مزيّة في إمكانية تحديد التأثير الوراثي للانتخاب بفضل إمكانية توحيد الظروف البيئية المحيطة بها .

إن الثقة في تسجيل التغيرات الوراثية تتعلق بشكل كبير بحجم العينات المدروسة ،لذلك يسعى الباحثون عند تنفيذ تجاربهم لاستخدام العشائر الكبيرة الحجم وذلك أيضاً في الحيوانات الزراعية بغية تحقيق أكبر دقة ممكنة في النتائج .

٧ - ٣ النموذج الوراثي البسيط للعشيرة :

إن بعض المؤشرات الوراثية تميز بين نوعين من الصفات المحددة في برامج التحسين الوراثي . النوع الأول ويتبع إليه أغلب الصفات النوعية يتصف

Scanned with ACE Scanner

بأنه يتأثر أو يتحدد من عدد قليل من المورثات ،ويخضع في مسألة وراثته إلى الوراثة الماندلية الكلاسيكية . أما النوع الثاني تتميز الصفات الملحقة به بأنها تتأثر بعدد كبير من المورثات ، وهي تمثل في النهاية مجموع آثار هذه المورثات ، وتتبع إليه الصفات الإنتاجية المهمة اقتصادياً للحيوانات الزراعية ، إلا أنه توجد بعض الحالات الاستثنائية تكون فيها الصفات النوعية محددة من عدد كبير من المورثات مثل بعض المسائل في موضوع الجنس وبين الجنسين.

إن طرائق وراثة العشائر تستخدم نماذجاً models للتعبير عن الصفات الكمية . وأبين فيما يلي بعض الأفكار المتعلقة بهذا الشأن .

إن الباحث يحصل في نهاية تجربته أو أعماله على قيم قياس للطابع المظهري phenotype . أي الشكل المظهري ، حيث تعدّ هذه القيم معطيات متوافرة عن الطابع المظهري لتنفيذ عمليات الاختبار (الانتخاب) . ويتم الاختيار فقط للطوابع المظهرية التي تقترب من هدف التربية . إن هذا الانتخاب سوف يؤدي إلى تغييرات وراثية في العشيرة ، تعدّ ضرورية جداً للقيام بعمل تربوي مهم .

إن التشابه الكبير بين الأفراد الأقارب – بين الأهل وأفراد نسلهم أو بين الأخوة – بشكل أساس لمتابعة التغيرات الوراثية الناتجة عن الانتخاب ، إلا أن استغلال التشابه بين الأهل والنسل على رغم أهميته ينطوي على سلبية تظهر من خلال الفرق الزمني بين الجيلين . والسلبية الأخرى في استغلال التشابه بين الأخوة لتسجيل التأثيرات الوراثية هي في كون هذه الطريقة تصلح فقط عند الانتخاب في الجيل نفسه.

Scanned with ACE Scanner

إن قيمة الطابع المظهري P تتأثر بالقاعدة الوراثية G والعوامل البيئيـــة لا ويمكن عدّها وظيفة كلا المقياسين .أي أنها :

$$p = f(G, U) \qquad (٧-١)$$

لكن هذا الشكل لا يساعد للعمل بفعالية ، ولا بد من شكل آخر خـــاص لك . وهنا يبرز دور الإحصاء الرياضي الذي يقدم نظرية مهمة حول النموذج لخطي ، لأنه يدلي بمعلومات نافعة عند إجراء التحليل الوراثي لمكونات هـــذا نموذج . بالوقت نفسه يعدّ أبسط النماذج التي يمكن هنـــا اســـتعمالها . لكـــن الاستنتاجات أو الدلالات المبنية عليه تحتاج دائماً إلى إثباتات عملية وهي تصح قط للظروف نفسها التي نفذت تحتها الدراسة .

إن النموذج البسيط ينطلق في التطبيق العملي للتحسين الوراثي من قيمة نموذج المظهري لإحدى الصفات في أحد الأفراد من إحدى العشـــائر تحـــت ظروف معينة . ويعبر عنه بالشكل التالي :

$$p = \mu + g_{(G)} + u_{(u)} \qquad (٧-٢)$$

إذ يشير كل من p إلى القيمة المظهرية للصفة المدروسة و μ إلى القيمة لمتوسطة لهذه الصفة في العشيرة المدروسة تحت الظروف البيئية المفترضـــة $g_{(G)}$ إلى الانحراف الوراثي عن μ و u(u) إلى الانحراف البيئي عن μ .

رياضياً يمكن تجسيم p في المتغير العشوائي X وهذا يعني أن ننظر إلى قيم القياس على قيم واقعية للمتغير العشوائي ، وأن يوصف توزع تكرار الصفة لمدروسة من خلال التوزع النظري . فعند تحديد مقاييس المتغير العشوائي x نطلق من مقاييس توزع التكرار . وبناء على ذلك يكون :

$$E(x) = \mu \qquad (٧-٣)$$

Scanned with ACE Scanner

إذ ترمز E(x) إلى القيمة المتوقعة للمتغير العشوائي x .

إن الاختلاف في الصفة يعبر عنه بالتباين variance . ولنستمكن من تجزئته إلى مكوناته الوراثية والبيئية نجسّم $g_{(G)}$ في النموذج g و $\mu_{(u)}$ في النموذج u وينبثق عن ذلك النموذج (٤-٧)

$$X = \mu + g + u \qquad E(g) = E(u) = 0 \qquad (٧ - ٤)$$

هذا النموذج يحول العلاقات البيولوجية في الشكل (٢-٧) إلى شكل رياضي .

إن شروط النموذج (٤-٧) عامة ويمكن دائماً عدّها محققة . ماعدا الشرطين التاليين فيجب تحقيقهما :

١- العشيرة موجودة تحت شروط بيئية موحدة والاختلافات البيئية بين حيوان وآخر قليلة .

٢- هذا النموذج يستخدم لعشيرة محددة والاختلاف الوراثي بين حيوانات هذه العشيرة يوصف من خلال g .

وبمراعاة هذه الشروط يصبح الشكل (٥ - ٧) التالي صحيحاً

$$V(x) = V(g+u) = V(g) + V(u) + 2\,cov(g, \mu) \qquad (٧-٥)$$

وبناء على هذا فإن التباين المظهري لصفة ما والذي يتطابق مع الشكل (٤-٧) هو حاصل جمع للتباين المشترط وراثياً $Vg = \sigma^2 g$ والتباين المشترط وراثياً $V(u) = \sigma^2 u$ والتباين المشترك cov (g,u) بين هذين المقدارين الذي يقارب من قيمة الصفر عند دراسة عدد كبير من الصفات المهمة تربوياً . وهذا الأمر يمكن دائماً تأكيده كلما كانت العوامل البيئية التي

Scanned with ACE Scanner

تؤثر في العشيرة موحدة . إلا أن هذا الشرط لا يمكن تحقيقه دائماً تحت الظروف العملية؛ لذلك يجب دائماً اختبار النتائج التي تقود إلى الشكل (٧-٤) بالنسبة لهذا الشرط لطالما اعتبر $cov\ (g,u)$ يساوي الصفر فيمكن وصف التباين المظهري $V(x) = \sigma^2 x$ من خلال العلاقة التالية :

$$\sigma^2 x = \sigma^2 g + \sigma^2 u \qquad (٧-٦)$$

إن النموذج (٧-٤) مع شرطي (٧-٣) و (٧-٦) يوصف بالنموذج الوراثي البسيط للعشيرة .

فيما يلي سنبين كيف يخصص هذا النموذج لوصف التشابه الوراثي للأفراد الأقارب . لنبدأ من أبوين معينين . الأب (V) والأم (M) . وحسب النموذج (٧-٤) يعبر عن القيمة المظهرية لكلا الأبوين كما يلي :

$$P_V = \mu + g_{(GV)} + u_{(UV)} \qquad (٧-٧)$$

$$P_M = \mu + g_{(GM)} + u_{(UM)} \qquad (٧-٨)$$

هذا عندما يكون الحيوانان يعيشان تحت الظروف البيئية نفسها. ونعدّ هنا إن واقع المتغيرات العشوائية g و u هي (g (GV) ، g (GM) ، u (UV) و u (UM) . إن ابن هذين الأبوين يحصل بالمتوسط على نصف معلوماته الوراثية من الأب أو من الأم . ولو لاحظنا في دراستنا عدداً أكبر من الأبناء لهذين الأبوين ، لنتج لدينا تشابهٌ كبيرٌ كنسل لأهل مختلفين ، هذه العلاقات الوراثية بين الأخوة تجسم كالتالي:

- أهل ونسل يعيشون تحت الظروف البيئية نفسها. تحت هذا الشرط يمكن أن نفترض أن نسل أهل معينين يحصلون بالمتوسط على

Scanned with ACE Scanner

نصف $g_{(GV)}$ و $g_{(GM)}$. وهذا يعني أن متوسط النسل لأهل يمكن التعبير عنه كالتالي :

$$\mu + 1/2\ g_{(Gv)} + 1/2\ g_{(GM)} \qquad (٧-٩)$$

والاختلاف الوراثي بين أفراد النسل يسبب انحرافات عن هذا المتوسط ويرمز لها بـ $Z_{(GV)}$ و $Z_{(GM)}$ لذلك يمكن وصف القيمة المظهرية للابن كالتالي :

$$P_N = \mu + 1/2\ g_{(Gv)} + 1/2\ g_{(GM)} + Z_{(GV)} + Z_{(GM)} + u_{(uN)} \qquad (٧-١٠)$$

هذه التشكيلات تجسم (حسب stahl وآخرون ١٩٦٩) في النموذج الخطي للإحصاء الرياضي التالي:

$$X_N = \mu + 1/2\ gv + 1/2\ g_M + Zv + Z_M + u =$$
$$= \mu + g_N + u \qquad (٧-١١)$$

وعند تطبيق النموذج الوراثي البسيط للعشيرة عند النسل يصبح عندئذ أن:

$$V_{(XN)} = V\ (1/2\ gv + 1/2\ g_M + Zv + Z_M) + V(u) \qquad (٧-١٢)$$

ولحساب $V\ (1/2\ gv + 1/2\ g_M + Zv + Z_M)$ نحتاج إلى شرط آخر حول تزاوج الأهل . هذا الشرط يفترض أيضاً حالة التزاوج العشوائي (Panmixie) عند الأهل . وإذا افترضنا أيضاً أن كلاً من Z_M و Zv وكذلك gM و gv مستقلة عن بعضها البعض عندئذ يصبح أن :

$$V\ (1/2\ gv + 1/2 g_M + Zv + Z_M) =$$
$$= 1/4\ V(gv) + 1/4\ V_{(gM)} + V_{(Zv)} + V_{(ZM)} \qquad (٧-١٣)$$

Scanned with ACE Scanner

إذا كانت الآباء غير منتخبة ، عندئذ يمكن أن نفترض أنه في النسل يتحدد التباين الوراثي نفسه كما هو الحال عند الآباء . وهذا يعني :

$$V(1/2\ gv) = V(1/2\ gM) = V(ZV) = V(ZM) = 1/4\ \sigma^2 g \qquad (١٤ - ٧)$$

في هذا السياق لابد من الإشارة إلى أن شرطي هذا النموذج ، وهما لتزاوج العشوائي والأهل غير المنتخبين ، لا يمكن تحقيقهما بشكل كامل في الحياة العملية ، وكذلك الـ cov (g,u) يكون غالباً أكثر من الصفر ولكنها قابلة للتحقيق عند استخدامها في الحيوانات النموذج .

وبهذا نكون قد وضحنا من خلال العلاقات كل الشروط اللازمة لوضع نماذج (تجسيم) الضرورية لتأثير الانتخاب في الحالات البسيطة .

٧ – ٤ النموذج الوراثي الموسع للعشيرة :

إن النموذج الوراثي البسيط للعشيرة مع شروطه المذكورة في الفقرة السابقة لا يمكن تحقيقها غالباً تحت الظروف الحقلية أو العملية ، لذلك كان لابد من تطوير هذا النموذج حيث يتناسب مع الظروف بشكل أكبر . إن هذا التطور يقوم على توسيع هذا النموذج بالشكل التالي :

- تجزئة الـ g .
- تجزئة الـ u .
- تأثير الـ cov(g,u) ≠ الصفر .

Scanned with ACE Scanner

إن الانحراف الوراثي عن متوسط العشيرة المذكور في الشكل (٧-٢) هو شكل بسيط لوصف هذا المقياس . فمن المعروف من الوراثة المندلية أن (G) g ينتج عن التأثير التجمعي للمورثات ، ولكن أيضاً من التأثيرات السيادية والتفوقية . ويمكن التعبير عن هذه الصيغة البسيطة بالشكل التالي :

$$g_{(G)} = ga + gd + ge \qquad (٧-١٥)$$

إذ ترمز ga إلى الانحراف الوراثي التجمعي .

وترمز gd إلى الانحراف الوراثي السيادي .

وترمز ge إلى الانحراف الوراثي التفوقي .

إن الشكل (٧-١٥) يعبر عنه بالنموذج :

$$g = ga + gd + ge \qquad (٧-١٦)$$

وفي حال اشترطنا عدم وجود علاقة بين المكونات يصبح عندئذ الشكل التالي :

$$\sigma^2 g = \sigma^2 ga + \sigma^2 gd + \sigma^2 ge \qquad (٧-١٧)$$

وبهذا يكون التباين المظهري

$$\sigma^2 x = \sigma^2 ga + \sigma^2 gd + \sigma^2 ge + \sigma^2 u \qquad (٧-١٨)$$

إن تقدير المكونات الفردية للتباين الوراثي يتطلب برامج تزاوج خاصة ، فمثلاً تعدّ تربية الخلط الحالة الصحيحة للاستفادة من الآثار الوراثية غير التجمعية (gd + ge) .

إن النموذج الوراثي البسيط للعشيرة يمكن توسيعه بالقياسات التالية :

Xijk = (٧-١٩)

Scanned with ACE Scanner

$$= \mu + 1/2\, g_{vi} + 1/2\, g_{nij} + Z_{vijk} + Z_{Mijk} + u_{Mij} + u_{Rijk}$$

إذ تشير Xijk إلى القيمة المظهرية للنسل k من تزاوج الأب i مع الأم j لما الـ u_{Mij} ، فتصف مجموع الآثار البيئية للأم . إن آثار الأم البيئية تظهر بصورة خاصة واضحة في الصفات التي تتأثر بالمشاكل التي تحدث في الرحم أو التي تتعلق بنتائج الرضاعة .

إن النموذج الوراثي البسيط للعشيرة اشترط أن تحيا الحيوانات تحت نفس العوامل البيئية . وهذا يعني نفس متوسط التغذية ونفس متوسط ظروف الإيواء.

إضافة إلى ذلك يفترض أن العشيرة تتشكل من نفس التشكيلة الوراثية مثلاً السلالة أو الخط . فتحت هذه لشروط فقط يسوغ الافتراض حول استقلالية كل من g و u عن بعضهما البعض . إن إبراز التأثير المتبادل بين الحيوانات والبيئة يجب أن يتم في أمثلة خاصة . فعملياً يكون لهذه العلاقة أهمية كبيرة عند تقدير القيمة التربوية .

٧ – ٥ الانتخاب الموجه في حالة التوزع الطبيعي :

إن الانتخاب الموجه وتأثيراته في تغيير المقاييس الوراثية والمظهرية للنسل يشكل منطلق العمل في هذا الفصل . ولوصف هذا التغيير تستخدم النماذج الرياضية المناسبة . إذ يستخدم الشكل البسيط من هذه النماذج ، وهنا يؤدي ما يسمى توزع الصفة دوراً مركزياً ، إذ يفترض أنّ توزع الصفة المدروسة يسمح بوصفه بدقة من خلال التوزع الطبيعي . إن التجارب الكثيرة حول توزع تكرار الصفات تشير إلى أن عدداً قليلاً من الصفات فقط يقارب توزعها التوزع الطبيعي . وعلى الرغم من ذلك نقبل التوزع الطبيعي كنموذج

Scanned with ACE Scanner

قابل للاستخدام العملي وذلك لأن الاستنتاجات من هذا النموذج تنسجم مع النتائج العملية المقابلة بشكل جيد .

التوزع الطبيعي يوصف من خلال المقياسين ، القيمة المتوسطة (μ) والانحراف المعياري (σ) ، إذ يستخدم المقياسان $\bar{x}$ و s كقيم تقديرية لهما . وفي هذا السياق لابد من الإشارة إلى أن توزع تكرار الصفة يأخذ شكل الجرس ، وللمزيد من المعلومات حول هذا الموضوع يجب دراسة المراجعة الإحصائية المختصة المشار إليها في فقرة المراجع العلمية.

إن الحديث عن موضوع الانتخاب يشير إلى موضوعي الفارق الانتخابي والنجاح الانتخابي ، فالفارق الانتخابي للعينة العشوائية (d) يصف الفرق بين متوسط القيمة للحيوانات المنتخبة ($\overline{xs}$) ومتوسط القيمة لنفس الصفة في مجموع العينة ($\bar{x}$) ، ويعبر عن ذلك رياضياً كالتالي :

$$d = (\overline{xs}) - x \qquad (٢٠-٧)$$

هذا الفارق يتعلق بعدد أو نسبة الحيوانات المنتخبة والانحراف المعياري في الصفة المدروسة . فالفارق الانتخابي d في التوزع الطبيعي يحسب حسب الشكل (٢١-٧)

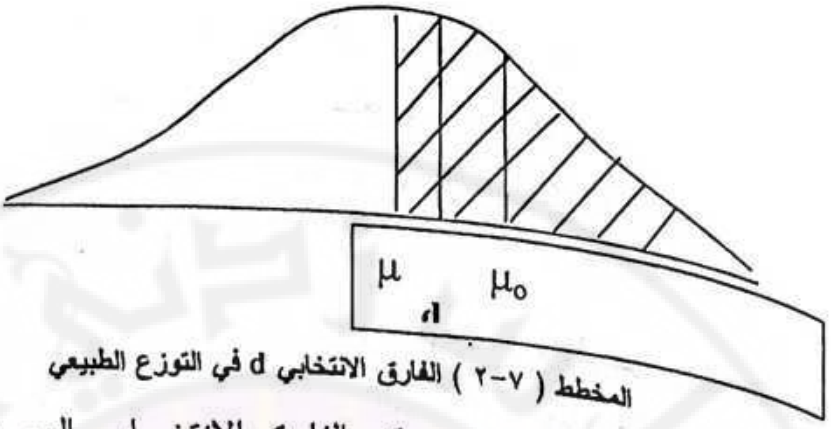
$$d = \frac{\varphi(u)}{1-\Phi(u)}\sigma = ds \cdot \sigma \qquad (٢١-٧)$$

إذ تشير $\varphi(u)$ إلى دور كثافة التوزع الطبيعي المعدّل ، و $\Phi(u)$ إلى دور التوزع الطبيعي المعدل في النقطة u . أما u فهي نقطة الانتخاب و تساوي :

$$u = \frac{xs\ u}{\sigma} \qquad (٢٢-٧)$$

ويعبر عن الفارق الانتخابي بيانياً كما هو موضح في المخطط (٧-٣)

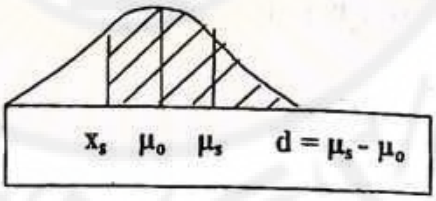
Scanned with ACE Scanner

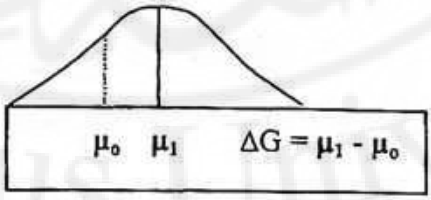


المخطط (٧-٢) الفارق الانتخابي d في التوزع الطبيعي

وفي الجدول (٧-١) تعرض قيم الفارق الانتخابي المعدل حسب $1-\Phi(u)$ ، التي تشير إلى الجزء المنتخب . ويقصد بـ ds ما يسمى بالفارق الانتخابي المعدل ، أي الفارق الانتخابي في التوزع الطبيعي مع الانحراف المعياري (1).

إن هدف الانتخاب هو إجراء تغيير وراثي موجه للعشيرة . ويعبر عن هذا التغيير الحاصل كنتيجة لأساليب الانتخاب المستخدمة بما يسمى النجاح الانتخابي إذ يقاس من خلال الفرق بين متوسط نسل الآباء المنتخبة ومتوسط نسل كل الآباء . كما يوضح ذلك المخطط البياني (٧-٤) التالي :





المخطط (٧-٤) النجاح الانتخابي الوراثي ΔG في التوزع الطبيعي

Scanned with ACE Scanner

إن انتخاب الأهل لا يؤثر فقط في إزاحة متوسط القيمة للعشيرة المعبر عنه بـ ΔG وإنما يعمل أيضاً على خفض التباين في هذه العشيرة . لحسابهما ، نحتاج إلى نظرية من حساب الاحتمالات والتي يمكن أن نجدها على سبيل المثال عند Rasch 1970 .

يتوافر لدينا متغير ثنائي البعد (x,y) وتوزع طبيعي ذي القيم المتوقعة μx و μu والتباين $\sigma^2 x$, $\sigma^2 y$ والتباين المشترك (cov(xy أو الارتباط Q وبالنسبة للمكونة x يفترض أن موضع القطع للتوزيع في النقطة Xs . عندئذ تكون القيم المتوقعة الحديّة Ex(x) أو Ex(y) وحد التباين VX (x) أو VX(y) والتباين المشترك covx(x,y) للتوزيع المنتخب هي :

$$Ex(x) = \mu_x + \frac{\varphi(u)}{1-\Phi(u)}\sigma x = \mu_x + ds\ \sigma x \qquad (٧-٢١)$$

$$Ex(y) = \mu_y + Q\frac{\varphi(u)}{1-\Phi(u)}\sigma y = \mu_y + Q\,ds\ \sigma y \qquad (٧-٢٢)$$

$$Vx(x) = \sigma^2 x\,[\,1 + ds\,(u - ds)\,] \qquad (٧-٢٣)$$

$$Vx(y) = \sigma^2 y\,[\,1 + ds\,Q^2\,(u - ds)\,] \qquad (٧-٢٤)$$

$$cov(x,y) = \sigma\,xy\,[\,1 + ds - u - ds\,)\,] \qquad (٧-٢٥)$$

فيما يلي شرح للتغيرات الناتجة عن الانتخاب نسوقه من خلال مثال نظري ،انطلاقاً من النموذج الوراثي البسيط للعشيرة (٧-٤) ، ومن شروطه المحددة ،تدرس القياسات العشوائية (x,g) الثنائية البعد وهنا تشير x إلى القيمة المظهرية لصفة ما و g للانحراف الوراثي عن القيمة المتوسطة للصفة نفسها .

Scanned with ACE Scanner

في هذه الحالة يصح ما يلي :

$$V(g) = \sigma^2 g \quad , \quad V(x) = \sigma^2 x$$

$$\text{cov}(x,g) = \text{cov}(g + \mu, g) = \text{cov}(g,g) + \text{cov}(g,u) = \sigma^2 g \qquad (٢٦-٧)$$

$$Q = \frac{\text{cov}(x,g)}{\sqrt{\sigma^2 x \sigma^2 g}} = \frac{\sigma^2 g}{\sigma x \sigma g} = \frac{\sigma g}{\sigma x} = h_x \qquad (٢٧-٧)$$

في الشكل (٢٦-٧) استخدم الشكل التالي :

$$\text{Cov}\left(\sum_{i=1}^{n} xi, y\right) = \sum_{i=1}^{n} \text{cov}(xi, y)$$

لقد فرضنا أن المقدار العشوائي (g , x) في المكونة (x) قطع في النقطة x_s بمعنى أن كل الأفراد ذات القيمة المظهرية $x < x_s$ تنتخب لمتابعة التربية . والفارق الانتخابي في الصفة x يمكن تحديده بمساعدة الشكل (٢١-٧) والفارق الانتخابي الوراثي ΔG للصفة g يحدد من الشكل (٢٢-٧) بمساعدة Q من الشكل (٢٧-٧) . ويمكن للمرء أن يدرك أن الفارق الانتخابي الوراثي ينتج عن الفارق الانتخابي للصفة x مع العامل h^2_x حسب الشكل (٢٨-٧)

$$\Delta G = h_x \cdot ds \cdot \sigma g = h^2_x \cdot ds \cdot \sigma x \qquad (٢٨-٧)$$

إن ΔG تشير إلى تغير القيمة المتوسطة للصفة غير المنتخبة ، وفي هذه الحالة إلى الانحراف المحدد وراثياً عن القيمة المتوسطة .

فيما يلي ندرس التغيرات في كلا التباينين بعد عملية القطع من النقطة x_s في الصفة x . إن تأثير الانتخاب في تباين الصفة x يشير إليه الشكل

Scanned with ACE Scanner

(٢٣-٧) . أما تغير التباين في الصفة g فيحسب من خلال الشكلين (٢٤-٧) و (٢٧-٧) .

$$V_x(g) = \sigma^2 g \left[1 + ds\, h^2_x (u - ds) \right] \qquad (٢٩-٧)$$

من الشكلين (٢٣-٧) و (٢٩-٧) نستنتج أن تغير كلا التباينين يتعلق بنقطة القطع و h^2_x .

بعد هذا الشرح للعلاقات من الممكن أن نشير إلى التغير في النسل المذكور في المخطط البياني (٤-٧) . فإذا انطلقنا من النموذج (٤-٧) و (١١-٧) وعالجنا المقدار العشوائي (x_N , x) الثنائي البعد إذ ($1 - \Phi u = 0.5$) و ($h^2 = 0.4$) . فإن القيمة المتوسطة للنسل تنتج عن الشكل (٢٢-٧) . وهنا تشكل σx الانحراف المعياري المظهري للنسل . وهي تطابق الانحراف المعياري المظهري للأهل دون انتخاب ، أما Q عبارة عن الارتباط بين (x و x_N) . وهنا نشير إلى القيمة المظهرية لأحد الأبوين، وهذا يعني أن الانتخاب نفذ في جنس واحد فقط عند الذكور على سبيل المثال عندها يصح أن:

$$Q = \frac{\operatorname{cov}(x, x_N)}{\sigma x \sigma x_N} = \frac{\operatorname{cov}(gv + uv, 1/2gv + 1/2\sigma m + Zv + ZM + uN)}{\sigma x^2}$$

$$Q = \frac{1/2\sigma^2 g}{\sigma^2 x} = 1/2\, h^2_x$$

يفترض أيضاً أن ($\operatorname{cov}(u_v , u_N) = 0$) . فمن الشكل (٢٢ - ٧) ينتج أن :

$$Ex (x_N) = \mu x_N + 1/2\, h^2_x \,.\, ds \,.\, \sigma x \qquad (٣٠-٧)$$

Scanned with ACE Scanner

وبالتالي فإن ΔG تحسب عند الانتخاب لأحد الأبوين .

$$\Delta G = 1/2\, h^2_x \,.\, ds \,.\, \sigma x.$$

٧ – ٦ النجاح الانتخابي المباشر وغير المباشر :

النجاح الانتخابي المباشر يعرف أنه الفارق الانتخابي الوراثي ΔG في الصفة المنتخبة أو التي نفذ فيها الانتخاب . انطلاقاً من النموذج الوراثي البسيط للعشيرة يدرس المقدار العشوائي (x , g) الثنائي البعد ويشترط أيضاً أنه يملك توزعاً طبيعياً ثنائي البعد . ففي مثل هذا التوزع تكون العلاقة بين x و g خطية ويصح عندها أن :

$$g = \beta (x - \mu) \quad \text{إذ أن} \qquad (٣١-٧)$$

$$\beta = \frac{cov(g,x)}{\sigma^2 x} = h^2 \qquad (٣٢-٧)$$

وبالتالي فإن معامل الانحدار بين x و g يعبر عنه من خلال الشكل التالي :

$$g = h^2 (x - \mu) \qquad (٣٣-٧)$$

وأن التغير الحاصل في الصفة x يضرب بـ h^2 ، فينتج التغيير في g . وبهذا يمكن عرض الفارق الانتخابي الوراثي ΔG في الصفة الانتخابية من خلال :

$$\Delta G = h^2 . dx \qquad (٣٤-٧)$$

وهذا الشكل يتطابق مع الشكل (٢٨-٧) إذا بدلت dx بـ . ds . σx

أما في حالة دراسة ومراقبة الصفتين (x_1 , x_2) في حيوان ما ، وتم الانتخاب

Scanned with ACE Scanner

على x1 ، عندئذ يظهر إلى جانب النجاح الانتخابي المباشر ΔG_1 في الصفة x_1 ما يدعى بالنجاح الانتخابي غير المباشر في الصفة x_2 ، إذا كانت هناك علاقة وراثية بين x_1 و x_2 . وهنا يشترط المقدار العشوائي (x_1 , g_2) ثنائي البعد على أن يكون توزع طبيعي ثنائي البعد ، وبشكل مقابل للشكل (٧-٣١) يصح أن :

$$g_2 = \beta (x_1 - \mu_1) \qquad (٣٥-٧)$$

$$\beta = \frac{\mathrm{cov}(g_2, x_1)}{\sigma^2 x_1} = \frac{\mathrm{cov}(g_2, g_1)}{\sigma^2 x_1} \qquad \text{إذ}$$

$$= Q g_{12} \cdot h_1 \cdot h_2 \cdot \frac{\sigma x_2}{\sigma x_1} \qquad (٣٦-٧)$$

وبالنظر إلى الشكل (٧-٣٤) نحصل على $\Delta G_{2/1}$ من خلال :

$$\Delta G_{2/1} = Q\, g_{12} \cdot h_1 \cdot h_2 \, \frac{\sigma x_2}{\sigma x_1} \cdot dx_1$$

إن أهمية النجاح الانتخابي غير المباشر في الصفة x2 عند الانتخاب للصفة x1 مقارنة بالنجاح الانتخابي المباشر في الصفة x2 يشير إليه التقويم التالي ، إذا كانت الشدة الانتخابية والفارق الانتخابي المعدل متساويين .

$$\frac{\Delta G_{2/1}}{\Delta G_{2/2}} = \frac{Q g_{12} h_1 h_2 \frac{\sigma x_2}{\sigma x_1} dx_1}{h^2{}_2 . dx_2}$$

$$= \frac{Q g_{12} h_1}{h^2} \qquad (٣٧-٧)$$

Scanned with ACE Scanner

إن هذه النسبة تحدد أهمية استخدام الانتخاب المباشر للصفة (١ <) أو الانتخاب غير المباشر (١<) ولكي يكون التقويم صحيحاً وفعالاً يجب أن تكون المقاييس المذكورة مقدرة بدقة عالية .

٧ – ٧ الانتخاب الثابت :

هناك عدد من الصفات التي يحتاج تطويرها إلى استخدام أسلوب انتخابي غير الانتخاب الموجه ؛ لأن هذا الأخير يعمل كما ذكرنا سابقاً على تغيير المظهر المتوسط للصفة الشكلية المرغوبة بينما التباين عن هذا المتوسط غير مرغوب به . وكمثال على هذه الصفات نسمي شكل الضرع وبعض صفات نوعية اللحم. ولأجل تحسين هذه الصفات يستخدم الانتخاب الثابت .

إن العمل مع صفات للانتخاب الموجه وأخرى للانتخاب الثابت ضمن دليل انتخابي واحد يؤدي إلى دليل انتخابي غير خطي . وهذا يتطلب إيجاد طريقة تساعد في كيفية التصرف مع الدليل الانتخابي غير الخطي . وهذا الأمر يتطلب عملية تحويل لصفات الانتخاب الثابت . ونستعرض فيما يلي الأشكال التالية المناسبة لذلك :

$$-(x-k)^2 = x^*$$
$$-(x-k) = x^*$$
$$-\ln(x-k) = x^*$$

Scanned with ACE Scanner

إذ تمثل k العامل الثابت للموضوع التالي ، وهو أن الانحراف الإيجابي والسلبي للصفة عن هذا الثابت ينظر إليهما بالأهمية نفسها . وغالباً ما تكون k القيمة المتوسطة للصفة x أو القيمة المثالية التربوية .

إن الأشكال الثلاثة للتحويل اختبرت بشكل تكون فيه القيمة الكبيرة هي القيمة الأفضل في التحويلات ١ و ٢ تكون القيمة صفر . وإن القيم المحولة x* يمكن معالجتها من خلال نظرية الانتخاب الموجه في حال استطعنا عمل نماذج وراثة العشائر فيها . وهذا الشرط يجب اختباره بمساعدة تجارب الانتخاب المصطنعة . إن أشكال التحويل الثلاثة تؤدي إلى نفس ترتيب الحيوانات عند الانتخاب حسب x* . ويجب الإشارة أخيراً إلى أن المسافات بين القيم للحيوانات منفردة تكون مختلفة وبالتالي أيضاً القيم المتوسطة والتباينات .

	0.007	0.008	0.009
	2.7843	2.7400	2.7011
	2.4800	2.4594	2.4393
	2.3085	2.2948	2.2810
	2.1857	2.1750	2.1648
	2.0885	2.0798	2.0712
	2.0074	2.0000	1.9925
	1.9375	1.9309	1.9245
	1.8756	1.8697	1.8641
	1.8200	1.8148	1.8096
	1.7694	1.7645	1.7597
	1.7227	1.7182	1.7139
	1.6794	1.6753	1.6711
	1.6389	1.6350	1.6312
	1.6009	1.5972	1.5935
	1.5648	1.5614	1.5579
	1.5306	1.5273	1.5240
	1.4980	1.4949	1.4917
	1.4669	1.4638	1.4608
	1.4370	1.4340	1.4312
	1.4082	1.4054	1.4026
	1.3805	1.3778	1.3751
	1.3537	1.3511	1.3485
	1.3278	1.3253	1.3228
	1.3027	1.3002	1.2978
	1.2783	1.2759	1.2735
	1.2546	1.2522	1.2499
	1.2314	1.2291	1.2269
	1.2089	1.2067	1.2044
	1.1869	1.1847	1.1825
	1.1654	1.1632	1.1611
	1.1443	0.1422	1.1401
	1.1237	0.1216	1.1196
	1.1034	0.1014	1.0994
	1.0836	0.0816	1.0796
	1.0641	1.0621	1.0602
	1.0449	1.0430	1.0411

Scanned with ACE Scanner