العدد المتوقع للنباتات المصابة من العشيرة ب =

العدد الكلى للنباتات المصابة فى العشيرتين × العدد الكلى للنباتات المختبرة من العشيرة ب

العدد الكلى للنباتات المختبرة من العشيرتين

ويلى ذلك .. حساب العدد المتوقع للنباتات غير المصابة من العشيرتين، بحساب الفرق بين العدد الكلى المختبر، والعدد المتوقع المصاب فى كل منهما، ثم يحسب مربع كاى لأربع مجموعات من الأرقام المشاهدة والمتوقعة (تساوى دائمًا عدد العشائر المختبرة × عدد الفئات بكل عشيرة)، وبجمعها معًا .. نحصل على مجموع مربع كاى. ويحدد - بعد ذلك - احتمال حدوث هذه القيمة من جدول توزيع مربع كاى عند العدد المناسب من درجات الحرية. ويحسب عدد درجات الحرية المناسب من المعادلة التالية:

عدد درجات الحرية = (عدد العشائر المختبرة - ١) × (عدد الفئات بكل عشيرة-١)

أى يكون عدد درجات الحرية فى هذا المثال: (٢-١) × (٢ - ١) =١

ويعد احتمال ٠,٠٥ هو الحد الفاصل بين قيم مربع كاى الجوهرية (الأعلى من ٠,٠٥) وغير الجوهرية (٠,٠٥ أو أقل) وتدل القيم الجوهرية على أن العشيرتين مختلفتان وراثيًا - عن بعضهما. أما القيم غير الجوهرية .. فتدل على أن العشيرتين متشابهتان فى درجة مقاومتهما للمرض، وأن فرقا بينهما - بالقدر المشاهد، أو أكبر منه - لا يتوقع حدوثه بالمصادفة، إلا فى ٥٪ أقل من الحالات المشابهة (Briggs & Knowles ١٩٦٧).

ولمزيد من التفاصيل عن استعمالات اختبار مربع كاى .. يراجع أحد مراجع الإحصاء، مثل: Snedecor & Cochran (١٩٦٧)، و Little & Hills (١٩٧٨)، و Gomez & Gomez (١٩٨٤).

الخريطة الكروموسومية

يمكن بدراسة الانعزال فى ثلاثة جينات تُحمل على كروموسوم واحد تحديد نسبة الانعزال المزدوج double crossing over. وترتيب الجينات على الكروموسوم بالنسبة لبعضها البعض؛ فيما يعرف باسم الخريطة الكروموسومية chromosome map.

وكمثال على ذلك .. أجرى التلقيح: AaBbCc x aabbcc، وكانت النتائج كما يلى:

الشكل المظهرى	العدد
A-B-C-	٧٨٦
aa bb cc	٧٥٣
A- bb cc	١٠٧
aa B- C-	٩٧
aa B- cc	٨٦
A- bb C-	٩٤
aa bb CC	١
A- B- cc	٢
	١٩٢٦

يستدل من هذه النتائج على ما يلى:

١ – التراكيب الأبوية هى التى توجد بأعلى نسبة شكل مظهرى.

٢ – التراكيب الناتجة من عبور مفرد single crossing over هى الأشكال الأربعة التالية فى النِسَبْ.

٣ – التراكيب الناتجة من العبور المزدوج هى التى توجد بأقل نسبة؛ ذلك لأن نسبتها تكون دائمًا أقل من نسب العبور المفرد.

ويمكن تحديد ترتيب الجينات بسهولة من نِسَبْ التراكيب ذات العبور المزدوج – وهى أقل النسب – حيث يسهل تخيل ترتيب الجينات، ثم يطبق ذلك الترتيب بالنسبة لبقية الأشكال المظهرية المتحصل عليها.

تقدر المسافة AB بحساب نسبة العبور بين هذين الجينين، كما يلى:

$$\text{المسافة AB} = \frac{(٢ + ١ + ٩٧ + ١٠٧)}{١٩٢٦} \times ١٠٠ = ١٠.٧ \%$$

= ١٠.٧ وحدة عبور

وتقدر المسافة BC بحساب نسبة العبور بين هذين الجينين، كما يلى:

$$\text{المسافة BC} = \frac{(٢ + ١ + ٩٤ + ٨٦)}{١٩٢٦} \times ١٠٠ = ٩.٥ \%$$

= ٩,٥ وحدة عبور

ويحسب العبور المزدوج المتوقع فى منطقتين متجاورتين من حاصل ضرب العبور المفرد فى كل منطقة كروموسومية على حدة بعد تحويل قيمة العبور المفرد فى كل منطقة على حدة إلى رقم عشرى. وفى مثالنا .. يصبح العبور المزدوج المتوقع: ٠.١٠٧ × ٠.٠٩٥ = ٠.٠١٠٢، أى ١.٠٢٪.

عمومًا .. يندر حدوث عبور مزدوج فى مسافات كروموسومية تقل عن ١٠ وحدات عبور، على الرغم من أن بعض الكروموسومات الطويلة قد تظهر بها ١٠ حالات عبور تكون موزعة اعتباطيًّا عليها.

ويقل دائمًا العبور المزدوج المتحصل عليه فعلاً عن العبور المزدوج المتوقع، ويرجع ذلك إلى أن حدوث العبور فى منطقة كروموسومية يثبط بشكل ما العبور فى المنطقة المجاورة لها مباشرة، ويعرف ذلك بالتعارض interference.

ويقدر معامل التعارض Coincidence of Interference بقسمة العبور المزدوج المتحصل عليه فعلاً على العبور المزدوج المتوقع.

وتتراوح قيمة معامل التعارض بين الصفر فى حالة التعارض التام، والواحد الصحيح فى حالة غياب أى تعارض.

وفى مثالنا السابق .. كان العبور المتحصل عليه $\frac{٣}{١٩٢٦} \times ١٠٠ = ٠.١٦$ ٪، بينما كان العبور المزدوج المتوقع ١.٠٢٪، ويعنى ذلك أن معامل التعارض كان ٠.٠٠١٦ ÷ ٠.٠١٠٢ = ٠.١٦، أى إنه لم يحدث فعلاً سوى ١٦٪ من العبور المزدوج الذى كان متوقعًا.

هذا .. ويقل التعارض كلما بعدت الجينات عن بعضها البعض (عن Gardner & Sunstead ١٩٨٤).