

Luân giao và Ggebiplot (Diallel cross and Ggebiplot)

Nguyễn Đình Hiền
Bộ môn công nghệ phần mềm

1- Luân giao (Diallel cross)

Luân giao là ph- ơng pháp thử khả năng kết hợp của các dòng do Sprague và Tatum đề xuất và đ- ọc Griffing hoàn chỉnh vào năm 1956.

Để phân tích số liệu thu đ- ọc qua luân giao có hai ph- ơng pháp tiếp cận chính:

- Ph- ơng pháp Hayman
- Ph- ơng pháp Griffing

Sau đây chúng tôi chỉ trình bày ph- ơng pháp Griffing

Griffing đ- a ra 4 sơ đồ luân giao gọi là sơ đồ 1, 2, 3 và 4. Nếu gọi p là số dòng tham gia luân giao thì:

Sơ đồ 1 gồm : - p dạng bố mẹ
- $p*(p-1)/2$ cặp lai thuận
- $p*(p-1)/2$ cặp lai ng- ợc
Tổng cộng p^2 tổ hợp.

Sơ đồ 2 gồm : - p dạng bố mẹ
- $p*(p-1)/2$ cặp lai thuận
Tổng cộng $p(p+1)/2$ tổ hợp.*

Sơ đồ 3 gồm : - $p*(p-1)/2$ cặp lai thuận
- $p*(p-1)/2$ cặp lai ng- ợc
Tổng cộng $p(p-1)$ tổ hợp*

Sơ đồ 4 gồm : $p*(p-1)/2$ cặp lai thuận.

Các tổ hợp lai đ- ọc lặp lại một số lần. Bố trí trên đồng ruộng th- ờng dùng kiểu khối ngẫu nhiên đầy đủ (RCBD) nh- ng cũng có thể, do hoàn cảnh , bố trí kiểu khác.

Căn cứ vào sơ đồ và cách bố trí thí nghiệm có thể đ- a ra mô hình toán học để tìm ra các thành phần ph- ơng sai tham gia vào kết quả của luân giao và đánh giá các thành phần đó.

B- ớc tiếp theo là tìm ra khả năng kết hợp chung và khả năng kết hợp riêng của từng dòng.

Thí dụ ở sơ đồ lai 1 với kiểu bố trí theo khối ngẫu nhiên đầy đủ ta có mô hình:

$$X_{ijk} = m + g_i + g_j + s_{ij} + r_{ij} + n_k + e_{ijk}$$

với m là tác động trung bình của toàn thí nghiệm

g_i, g_j là khả năng kết hợp chung (GCA) của dòng i và dòng j

s_{ij} là khả năng kết hợp riêng(SCA) giữa dòng i và j

r_{ij} là tác động t- ơng hỗ (Reciprocal) giữa i và j

n_k là tác động của lần lặp k (Replication)

e_{ijk} là sai số ngẫu nhiên (Error).

Sơ đồ tính toán (xem1 và 2)

Cả 4 sơ đồ đều bắt đầu bằng việc dùng ph- ơng pháp phân tích ph- ơng sai để tách riêng 3 thành phần của bảng phân tích ph- ơng sai (th- ờng gọi là nguồn biến động - Source of variation)

- Phần do lặp (Tổng quát hơn là các thành phần của kiểu bố trí thí nghiệm),
- Phần do công thức lai (Mỗi tổ hợp lai là một công thức)
- Phần do sai số ngẫu nhiên.

Căn cứ vào tỷ số Fisher (F) để đánh giá ảnh hưởng của lặp (của các thành phần do kiểu bố trí thí nghiệm), ảnh hưởng của công thức lai.

Toàn bộ kết quả được trình bày trong một bảng phân tích phương sai mà chúng tôi gọi là bảng phân tích phương sai I

Tiếp theo phải tách nhỏ phần phương sai do công thức lai thành các phần sau:

- Phần do khả năng kết hợp chung (General combining ability)
- Phần do khả năng kết hợp riêng (Specific combining ability)
- Phần do tác động tương hỗ (Reciprocal effect) nếu có lại ngược.

Việc tách này phụ thuộc vào sơ đồ lai nên không thể đưa ra một công thức chung cho cả 4 sơ đồ. Tiếp theo là kiểm định để đánh giá ảnh hưởng của mỗi thành phần. Việc này phải thận trọng vì phụ thuộc vào sơ đồ lai và việc chúng ta chọn mô hình cố định hay ngẫu nhiên.

Các cách tính đã được trình bày trong các tài liệu (1),(2),(3),(4)(5) và một số tài liệu khác (Có một ít khác biệt giữa các tài liệu nên chúng tôi có sự lựa chọn). Các kết quả được ghi lại trong bảng phân tích phương sai II.

Các phần mềm thống kê như: MiniTab, SPSS, Irristat không có phần viết riêng cho luân giao, chỉ có phần mềm MstatC của Đại học Michigan có phân tích luân giao theo sơ đồ Griffing 2 bố trí kiểu khối ngẫu nhiên.

Chương trình phân tích Diallel của chúng tôi viết cho cả 4 sơ đồ Griffing với kiểu bố trí theo khối ngẫu nhiên đầy đủ (RCBD)

Chương trình được viết bằng ngôn ngữ Pascal và chia nhỏ thành 2 chương trình:

- Chương trình Dialen2 để phân tích sơ đồ 2 và 4
- Chương trình Dialen3 để phân tích sơ đồ 1 và 3

Sau khi thử với nhiều thí dụ trong một số sách và luận án chương trình đã được dùng để phân tích các số liệu nghiên cứu của nhiều sinh viên và cán bộ nghiên cứu, kết quả ổn định và đáng tin cậy.

Sau đây là một số kết quả tính toán đối với thí dụ trong tài liệu (3).

PHÂN TÍCH DIALEN THEO GRIFFING 2

Thí nghiệm 7 giống mô hình Griffing 2
sách Dabholkar trang 296
2006

BẢNG PHÂN TÍCH PHƯƠNG SAI I

nguồn biến Động	Tổng BF	Bậc tự Do	Trung Bình	F _{tn}
Toàn bộ	17548.36	55	319.06	
giống	15224.39	27	563.87	6.91
lặp lại	119.31	1	119.31	1.46
Ngẫu nhiên	2204.67	27	81.65	

BẢNG PHÂN TÍCH PHƯƠNG SAI II

nguồn biến Động	Tổng BF	Bậc tự Do	Trung Bình	F _{tn}
Toàn bộ	8774.18	55	159.531	
giống	7612.19	27	281.933	3.453
Tổ hợp chung	2482.12	6	413.687	10.133
Tổ hợp riêng	5130.07	21	244.289	5.983
Ngẫu nhiên	1102.336	27	40.827	

MÔ HÌNH CỐ ĐỊNH BẢNG CÁC TỔ HỢP RIÊNG

	1	2	3	4	5	6	7
1		19.055	20.034	1.804	10.222	3.906	5.001
2			2.996	14.387	8.805	-1.402	4.886
3				4.243	4.596	16.707	12.781
4					-0.153	5.987	10.939
5						0.776	-2.906
6							-1.863
7							

Bang P * P Dialen (giá trị trung bình)

	1	2	3	4	5	6	7
1	42.445	90.786	84.194	56.116	70.867	64.630	63.225
2		46.641	66.431	67.973	68.723	58.597	62.384
3			25.186	50.259	56.945	69.135	62.709
4				17.563	42.347	48.567	51.018
5					38.163	49.689	43.506
6						36.937	44.629
7							29.573

Phân tích To hợp chung

Gia tri To hợp chung

Dong1	Dong2	Dong3	Dong4	Dong5	Dong6	Dong7
9.277	8.552	0.982	-8.867	-2.534	-2.454	-4.955

Bien Dong của To hợp chung

82.182	69.244	-2.925	74.740	2.534	2.136	20.662
--------	--------	--------	--------	-------	-------	--------

Bien Dong của TO HOP RIENG

Dong1	Dong2	Dong3	Dong4	Dong5	Dong6	Dong7
279.509	189.991	282.832	98.965	31.662	57.582	69.270

Bảng tóm tắt để so sánh các tổ hợp chung và riêng

Phg sai	Do lech	T(0.05)	LSD(0.05)	LSD(0.01)
---------	---------	---------	-----------	-----------

GI	3.888	1.972	2.052	4.046	5.464
GI - GJ	9.073	3.012	2.052	6.181	8.347
SII	23.816	4.880	2.052	10.014	13.523
SII -SJJ	45.364	6.735	2.052	13.821	18.663
SIJ	32.889	5.735	2.052	11.768	15.891
SIJ -SIK	72.582	8.519	2.052	17.482	23.608
SIJ -SKL	63.509	7.969	2.052	16.353	22.083

2- Ggebiplot

Ggebiplot là phần mềm của Weikai Yan mà chúng tôi đã giới thiệu. Đây là phần mềm rất hay và dễ sử dụng. Chủ yếu phần mềm này dùng để phân tích t- ong tác gen và môi tr- ờng. Nếu có một số giống trồng ở một số địa điểm thì các giá trị trung bình qua các lần lặp (thiết kế kiểu khối ngẫu nhiên đầy đủ(RCBD)) của các giống tại các địa điểm đ- ọc ghi vào một bảng chữ nhật với hàng là giống, cột là địa điểm. Bằng cách phân tích hai không gian hàng (giống) và cột (địa điểm) theo các thành phần chính sau

đó chọn hai thành phần chính đầu và chọn tỷ lệ thích hợp có thể vẽ trên cùng một đồ thị các điểm giống Vi và các điểm địa điểm Dj. Dựa trên mối quan hệ giữa các giống Vi và các địa điểm Dj có thể phân tích tính ổn định (Stability). Vì hình ảnh trên không gian 2 chiều nhìn chung chỉ phản ánh đ- ợc khoảng 70 – 80% hình ảnh thật nên các kết luận chỉ mang tính định h- ớng, dễ nhìn, giúp đ- a ra các kết luận chứ không thật chính xác.

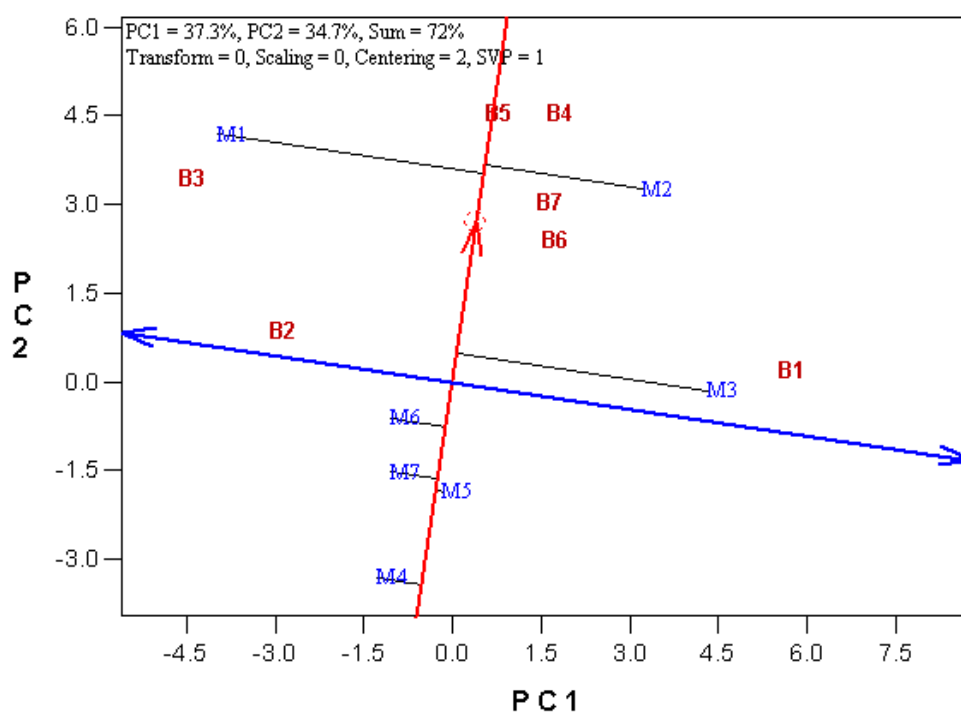
Đem áp dụng Ggebiplot vào luân giao với bảng 2 chiều là bảng các giá trị trung bình của các tổ hợp lai có thể thu đ- ợc một số kết quả khá bất ngờ.

Qua các tài liệu đã công bố thì các kết quả rõ nét nhất thu đ- ợc khi áp dụng Ggebiplot với các luân giao trong đó lai thuận và lai ng- ợc cho kết quả nh- nhau hoặc xấp xỉ nh- nhau. Dùng thí dụ ở phần 1 (coi nh- kết quả lai ng- ợc bằng lai thuận) chúng ta có bảng các giá trị trung bình

	B1	B2	B3	B4	B5	B6	B7
M1	42.445	90.786	84.194	56.116	70.867	64.63	63.225
M2	90.786	46.641	66.431	67.973	68.723	58.597	62.385
M3	84.194	66.431	25.186	50.259	56.945	69.135	62.709
M4	56.116	67.973	50.259	17.563	42.347	48.567	51.018
M5	70.867	68.723	56.945	42.347	38.163	49.689	43.506
M6	64.63	58.597	69.135	48.567	49.689	36.937	44.629
M7	63.225	62.385	62.709	51.018	43.506	44.629	29.575

Sau đây là kết quả khi vẽ bằng Ggebiplot (trên hình các giống khi dùng làm mẹ thì ghi là Mi còn dùng làm bố thì ghi là Bj)

Hình vẽ thứ nhất:



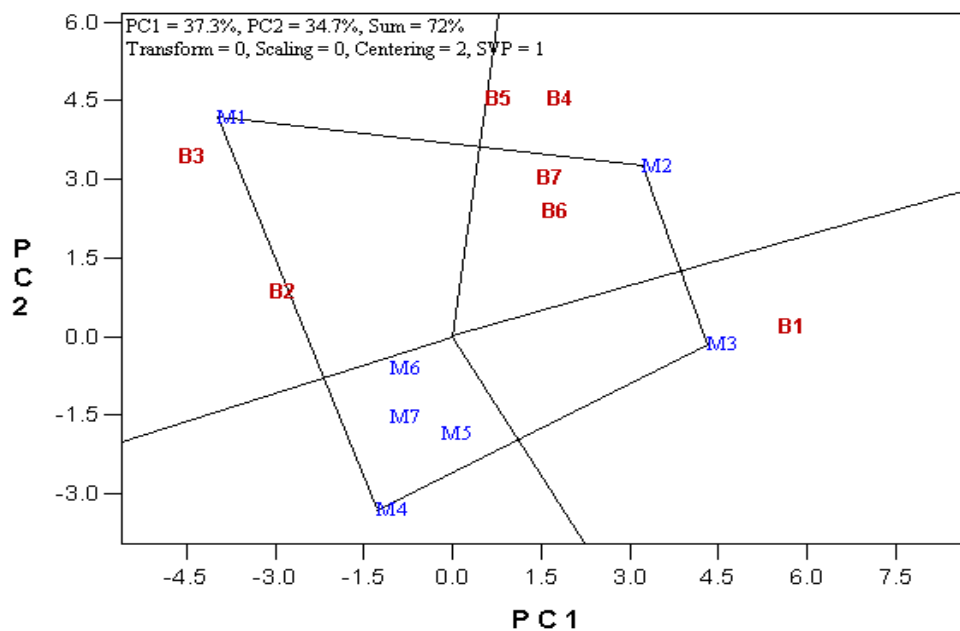
Các hình chiếu của các giống Mi trên trục chính (trên hình vẽ theo h- ớng từ d- ới lên trên) cho ta hình ảnh của các khả năng kết hợp chung GCA (xem bảng các tổ hợp chung ở trên, cao nhất là các giống M1, M2, nhỏ nhất là M4).

Xét khoảng cách từ các điểm Mi đến trục chính theo hướng song song với trục thứ hai.

Độ lớn của các khoảng cách này giúp chúng ta nhận định về khả năng kết hợp riêng SCA. Ba giống M1, M2, M3 cách xa trục nh- vậy 3 giống này có khả năng cho một số kết hợp riêng cao. Tổ hợp giống nằm ở hai phía đối lập của trục M1B2 và M1B3 cho các khả năng kết hợp riêng rất cao (xem bảng các tổ hợp riêng)

Các giống M4, M6, M7, M5 ở gần trục chính nên nhìn chung không cho các SCA cao, tuy nhiên nếu chọn tổ hợp giữa M4, M6, M7 với B2, B3 (có M2 và M3 nằm ở phía đối lập) thì được M2B4, M2B7 M3B7 tương đối cao.

Xét hình vẽ thứ hai:



Bốn giống M1, M2, M3, M4 nằm ở 4 đỉnh của một tứ giác bao trùm lên mọi Mi. Kẻ các đường vuông góc với các cạnh ta được 4 khu vực (sector). Khu vực có đỉnh M1 chứa 2 giống B2, B3 cách xa tâm điểm nh- vậy các tổ hợp M1B3 và M1B2 cho trung bình khá cao (xem bảng các giá trị trung bình). Khu vực có đỉnh M2 chứa 4 giống B5, B4, B6, B7 trong đó B5, B4 ở xa tâm điểm tương ứng với các trung bình M2B4 và M2B5 cao. Khu vực có đỉnh M3 chứa giống B1 xa tâm điểm nh- vậy tổ hợp M1B3 cho kết quả khá cao. Khu vực có đỉnh M4 không có giống B nào nh- vậy các tổ hợp của M4 với các giống khác đều cho trung bình thấp. Tr- ong hợp giống B5 xa tâm điểm và nằm ở danh giới giữa hai khu vực có đỉnh là M1 và M2 nên các tổ hợp M1B5 và M2B5 đều khá cao.

Cần nhắc lại là hình ảnh trên Ggebiplot nhìn chung chỉ đúng khoảng 70-80% nên các kết luận chỉ mang tính gợi ý.

Ngoài một số nhận xét đã trình bày ở trên một số tác giả đã đi sâu vào quan hệ giữa các điểm Mi và Bj để phân tích và đưa ra một số giả thiết về số gen trội ảnh hưởng đến tính trạng đang nghiên cứu, sau đó chia các giống thành một số nhóm và kiến nghị một số sơ đồ lai có khả năng cho kết quả cao.

Việc dùng Ggebiplot để nghiên cứu luân giao đang tiếp tục và ngày càng hoàn thiện chúng tôi nếu có dịp sẽ giới thiệu về vấn đề này.

Tài liệu tham khảo

1/ Ngô Hữu Tình và Nguyễn Đình Hiến.

Các phương pháp lai thử và phân tích khả năng kết hợp trong các thí nghiệm về - u thể lai NXB Nông nghiệp 1996. Trang 23-41.

2/ Singh R. K. Chaudhary B. D.

Biometrical methods in Quantitative Genetic analysis. Kalyani publishers 1985. Trang 104-157.

3/ Dabholkar A. R.

Elements of Biometrical Genetics. New Delhi 1992. Trang 215-325.

4/ Weikai Yan and Hunt L.A

Biplot analysis of Diallel Data Crop Science 42: 21-30(2002).

5- Weikai Yan. Software Ggebiplot.

(Bản Beta Ggebiplot trên mạng tại địa chỉ w.w.w.ggebiplot.com).

Summary

A set of crosses produced by involving “n” lines in all possible combinations is designated as diallel cross and the analysis of such crosses provides information on the nature and amount of genetic parameters, among them the general and specific combining ability of parents and their crosses.

The theory of diallel was developed by Jinks and Hayman and have been described in detail in (1) (2) and (3) The recent developments have been presented by Weikai Yan (4) using Software Ggebiplot (5).

2. Trần Hồng Uy, Ngô Hữu Tình và Nguyễn Đình Hiến. Phương pháp phân tích số liệu trong luân giao (Diallel cross). Tuyển tập kết quả nghiên cứu chọn lọc và lai tạo giống ngô. Nhà xuất bản Nông nghiệp 1995, trang 34 - 45.

5. Ngô Hữu Tình và Nguyễn Đình Hiến. Các phương pháp lai thử và phân tích khả năng kết hợp trong các thí nghiệm về - u thể lai. Nhà xuất bản Nông nghiệp 1996, 68 trang.