

اکولوژی و تکامل

کار با داده. تست-t. UPGMA

روز اول
۹۸/۴/۲۵

اهداف آزمایش:

۱. تهیه و مدیریت داده‌ها
۲. خوانش و تحلیل نمودار
۳. آشنایی و کار با تست-t
۴. رسم درخت UPGMA

زمان آزمایش: ۹۰ دقیقه

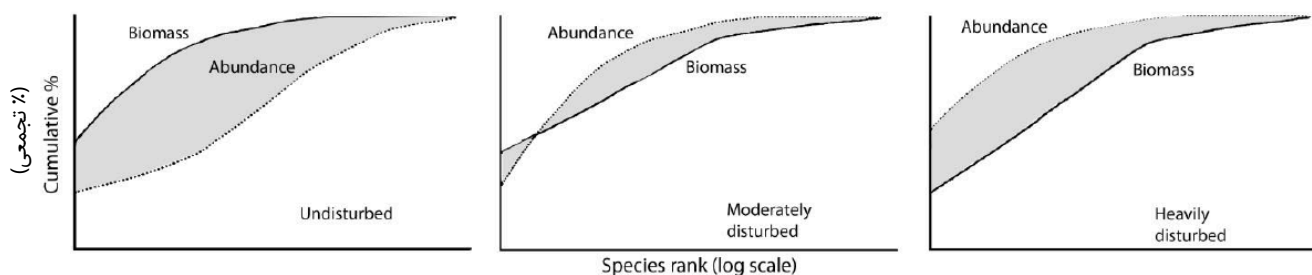


این فایل به منظور آموزش عملی دانش پژوهان المپیاد زیست شناسی ایران گردآوری شده است.

● بررسی آشفتگی در جوامع کفزی دریا | مقایسه طول بدن گونه B در جامعه ۱ و ۴ | رسم فنوگرام با استفاده از روش UPGMA

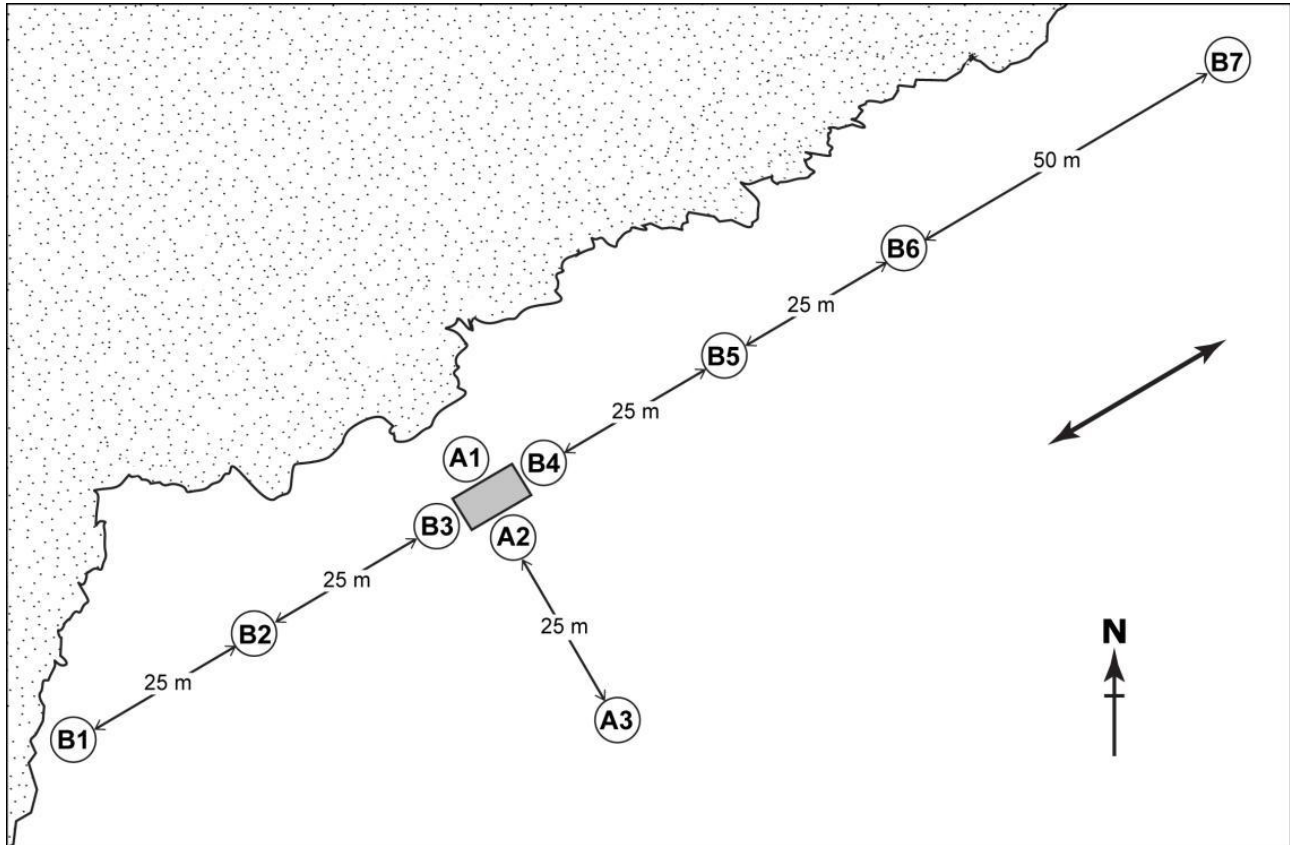
تغییرات در ساختار جوامع را می‌توان با انواعی از نمودارها نمایش داد. نمودار رتبه-فراوانی (Rank-Abundance) یا نمودار Whittaker برای نمایش فراوانی نسبی گونه‌ها مورد استفاده قرار می‌گیرد. در این نمودار رتبه هر گروه روی محور X قرار می‌گیرد؛ به طوری که به فراوان ترین گونه رتبه یک را اختصاص می‌دهیم. لگاریتم فراوانی هر گونه نیز روی محور Y قرار می‌گیرد. شکل نمودار می‌تواند تسلط (dominance) یک گونه در جامعه یا برابری (evenness) میان گونه‌ها را نشان دهد.

اولین بار روش مقایسه فراوانی-بیومس (Abundance-Biomass Comparison Method-ABC) توسط Warwick در سال ۱۹۸۶ برای بررسی آشفتگی (disturbance) در جوامع بی‌مهره اعماق آب بیان شد. در این نمودار لگاریتم رتبه هر گونه روی محور X و درصد تجمعی فراوانی و بیومس روی محور Y قرار می‌گیرد. این منحنی مبتنی بر تئوری انتخاب K و r می‌باشد. در این نمودار موقعیت نسبی منحنی فراوانی و منحنی بیومس می‌تواند نشان دهنده‌ی میزان آشفتگی در جامعه باشد. (مطابق شکل زیر)



بررسی آشفستگی در جوامع کفزی دریا

طی یک مطالعه بررسی تأثیرات محیطی (environmental impact assessment-EIS) روی تأثیر قفس‌های پرورش ماهی سالمون بر جوامع کفزی دریا متمرکز شدیم. نمونه‌ها از ایستگاه‌های مختلفی که در شکل می‌بینید جمع‌آوری شده‌اند (A1-A3, B1-B7)

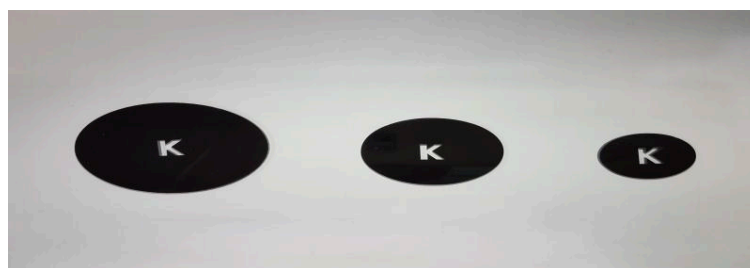


نشان‌دهنده جهت کنونی جریان آب

مکان قفس‌های شناور سالمون



در این بخش دو بسته شامل جامعه ۱ و ۲ در اختیار شما قرار گرفته است. هر جامعه می‌تواند شامل هر یک از گونه‌های A-Q باشد، همچنین میانگین بیومس برای هر فرد نیز در جدول ۵ آمده است. برای شمارش اعضای هر گونه در جامعه ۱ و ۲ از راهنمای زیر استفاده کنید.



۵۰ نفر

۱۰ نفر

۱ نفر

۱. اکنون با بررسی جامعه ۱ و ۲ جدول‌های ۱ و ۲ را پر کنید. (تا دو رقم اعشار)

[illegible]

[illegible]

۲. با توجه به اطلاعات به دست آمده در جدول ۱ و ۲ و همچنین اطلاعات موجود در جدول ۳ و ۴ که توسط یکی از دانشمندان از جامعه های ۳ و ۴ به دست آمده است نمودار رتبه-فراوانی را برای هر یک از جوامع ۱-۴ رسم کنید. (برای رسم نمودار از گراف های ضمیمه آخر پروتوکل استفاده کنید.)

جامعه ۳					
گونه	فراوانی	رتبه	لگاریتم فراوانی	درصد تجمعی فراوانی	درصد تجمعی بیومس
D	200	1	2.30	14.31	28.30
C	180	2	2.26	27.18	41.03
L	175	3	2.24	39.70	50.76
N	150	4	2.18	50.43	58.34
P	120	5	2.08	59.01	68.65
B	112	6	2.05	67.02	73.74
M	98	7	1.99	74.03	81.17
Q	80	8	1.90	79.76	86.02
O	75	9	1.88	85.12	88.29
E	62	10	1.79	89.56	92.36
F	35	11	1.54	92.06	94.40
H	30	12	1.48	94.21	96.45
A	28	13	1.45	96.21	97.44
G	25	14	1.40	98.00	98.45
J	15	15	1.18	99.07	98.48
I	8	16	0.90	99.64	98.99
K	5	17	0.70	100.00	100.00
جمع کل	1398				

جامعه ۴					
گونه	فراوانی	رتبه	لگاریتم فراوانی	درصد تجمعی فراوانی	درصد تجمعی بیومس
J	320	1	2.51	60.49	7.83
G	78	2	1.89	75.24	38.37
B	50	3	1.70	84.69	60.39
A	32	4	1.51	90.74	71.35
F	25	5	1.40	95.46	85.42
I	10	6	1.00	97.35	91.53
N	5	7	0.70	98.30	93.98
H	4	8	0.60	99.05	96.62
E	3	9	0.48	99.62	98.53
M	2	10	0.30	100.00	100.00
جمع کل	529				

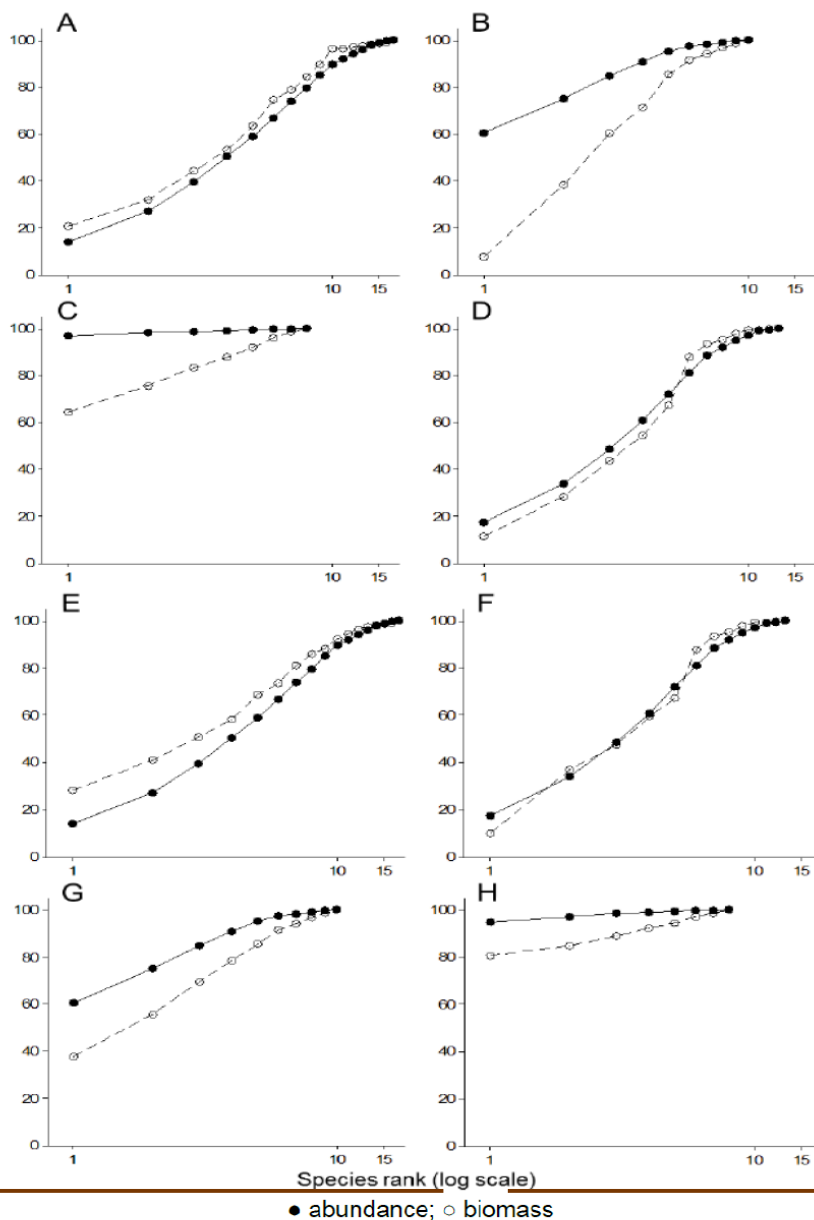
گونه	میانگین بیومس (g)
A	0.7
B	0.9
C	1.4
D	2.8
E	1.3
F	1.15
G	0.8
H	1.35
I	1.25
J	0.05
K	4
L	1.1
M	1.5
N	1
O	0.6
P	1.7

۳. صحیح یا غلط بودن گزاره‌های زیر را تعیین کنید.

	برابری (evenness) کم با شیب تند در نمودار رتبه-فراوانی مشخص می‌شود.
	برابری در جامعه ۱ کم است.
	برابری در جامعه ۲ کم است.
	برابری در جامعه ۳ کم است.
	برابری در جامعه ۴ کم است.

۴. نمودار ABC جوامع ۱-۴ را از بین نمودارهای زیر مشخص کنید.

جامعه	۱	۲	۳	۴
نمودار				



۵. جوامع ۱ تا ۴ را بر اساس میزان آشفتگی مرتب کنید.

۶. بر اثر بی‌دقتی یکی از مسئولان برچسب نام نمونه‌هایی که از ایستگاه‌های مختلف (A۱-A۳, B۱-B۷) گرفته شده‌اند، مخدوش شده است. انتظار دارید جوامع ۱-۴ در کدام یک از ایستگاه‌ها یافت شوند؟

جامعه	۱	۲	۳	۴
ایستگاه				

۷. کدام یک از ۱۷ گونه می‌تواند یک bioindicator برای غنای ارگانیکی (organic enrichment) باشد؟

مقایسه طول بدن گونه B در جامعه ۱ و ۴

در حین بررسی جوامع متوجه شدیم که طول بدن اعضای گونه B در جامعه ۱ کمتر از جامعه ۴ به نظر می‌رسد. به همین علت بر آن شدیم تا این موضوع را دقیق‌تر مورد بررسی قرار دهیم. نمونه‌ای تصادفی از جوامع ۱ و ۴ انتخاب شد و طول بدن اعضای آن بر حسب سانتی‌متر مورد محاسبه قرار گرفت که نتایج را در جدول زیر می‌بینید.

نمونه ۱	9.6	10.4	9.7	10.3	9.2	9.3	9.9	9.5	9.0	10.9
نمونه ۴	10.7	10.4	10.9	10.5	10.3	9.6	11.1	10.4	11.2	10.7

ابتدا به وسیله تست F دریافتیم که انحراف معیار دو جامعه تقریباً با هم برابر است. اکنون می‌خواهیم با استفاده از Student's T-test تحقیق کنیم که آیا طول اعضای گونه ۱ کمتر از گونه ۴ می‌باشد یا خیر.

۱. برای اینکار ابتدا میانگین و انحراف معیار نمونه‌های بالا را محاسبه کرده و در جدول زیر بنویسید.

$$s = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}{n-1}}$$

میانگین	انحراف معیار	
		نمونه ۱
		نمونه ۴

۲. سپس مقدار S_p را محاسبه کنید و در کادر زیر بنویسید.

$$s_p^2 = \frac{(n_1 - 1)s_1^2 + (n_2 - 1)s_2^2}{n_1 + n_2 - 2}$$

۳. اکنون مقدار t را محاسبه کنید و در کادر زیر بنویسید.

$$t = \frac{\bar{x} - \bar{y}}{s_p \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}}$$

۴. سپس مقدار df (degree of freedom) را برای این آزمون تعیین کرده و در کادر زیر بنویسید.

۵. اگر مایل به بررسی فرضیه-صفر خود در سطح $\alpha = 5\%$ باشیم با استفاده از جدول t -test موجود در ضمیمه آخر پروتوکل مقدار $t_{(df, 1-\alpha)}$ را به دست آورید و در کادر زیر بنویسید.

۶. با توجه به اعداد به دست آمده آیا تفاوت میانگین ها معنادار است؟

بله	
-----	--

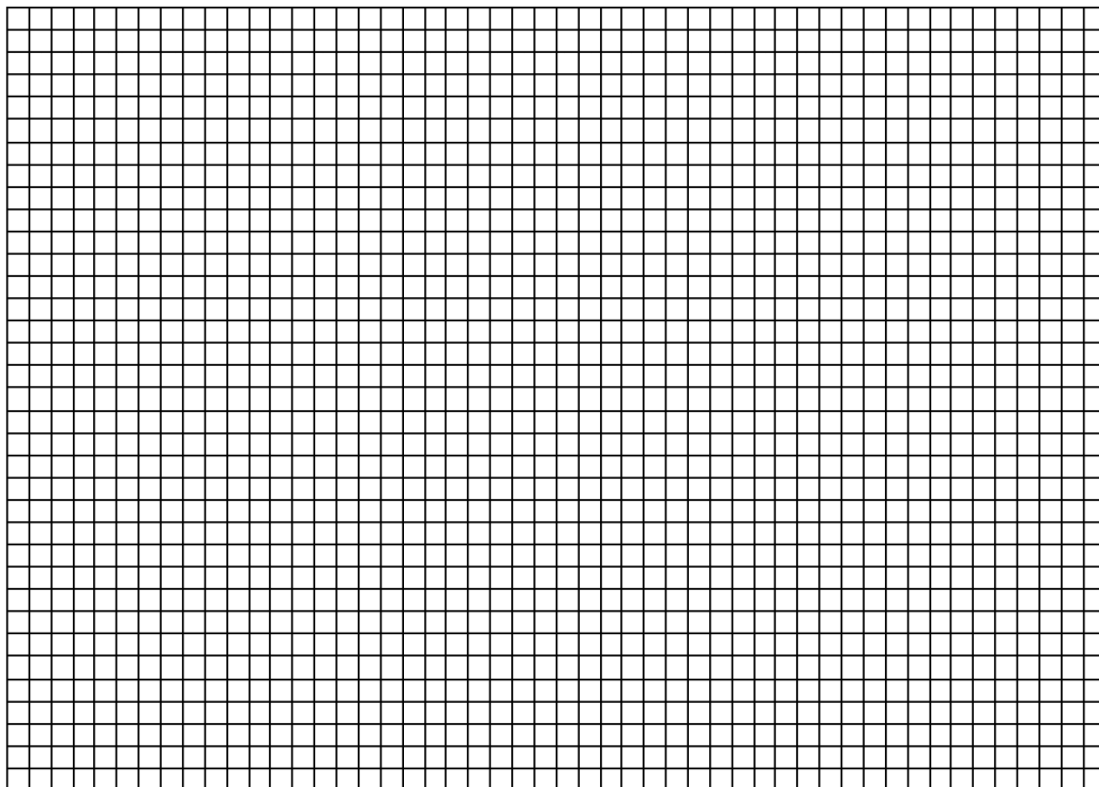
۷. از بررسی انجام شده به چه نتیجه ای می‌رسید؟

رسم فنوگرام با استفاده از روش UPGMA

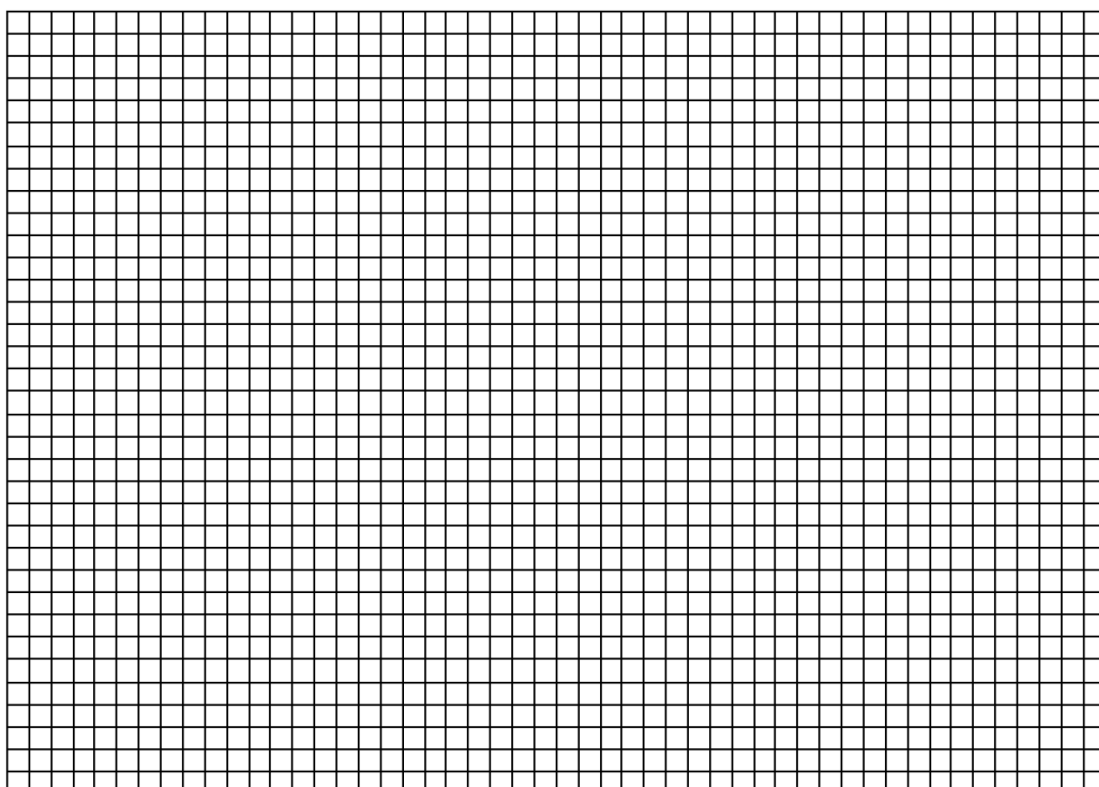
به علت شباهت زیاد گونه های L,P,M,O,E,A,B به بررسی مولکولی ژن $xoz19$ در آنها پرداختیم. به این صورت که ناحیه ای ۵۰۰ جفت بازی از ژن را انتخاب کردیم و بر اساس آن این هفت گونه را با هم مقایسه کردیم. در جدول زیر تعداد نوکلئوتیدهای متفاوت بین هر جفت گونه نشان داده شده است. اکنون با استفاده از روش UPGMA فنوگرام مناسب برای این هفت گونه را رسم کنید.

L							
P	19						
M	27	31					
O	8	18	26				
E	33	36	41	31			
A	18	1	32	17	35		
B	13	13	29	14	28	12	
	L	P	M	O	E	A	B

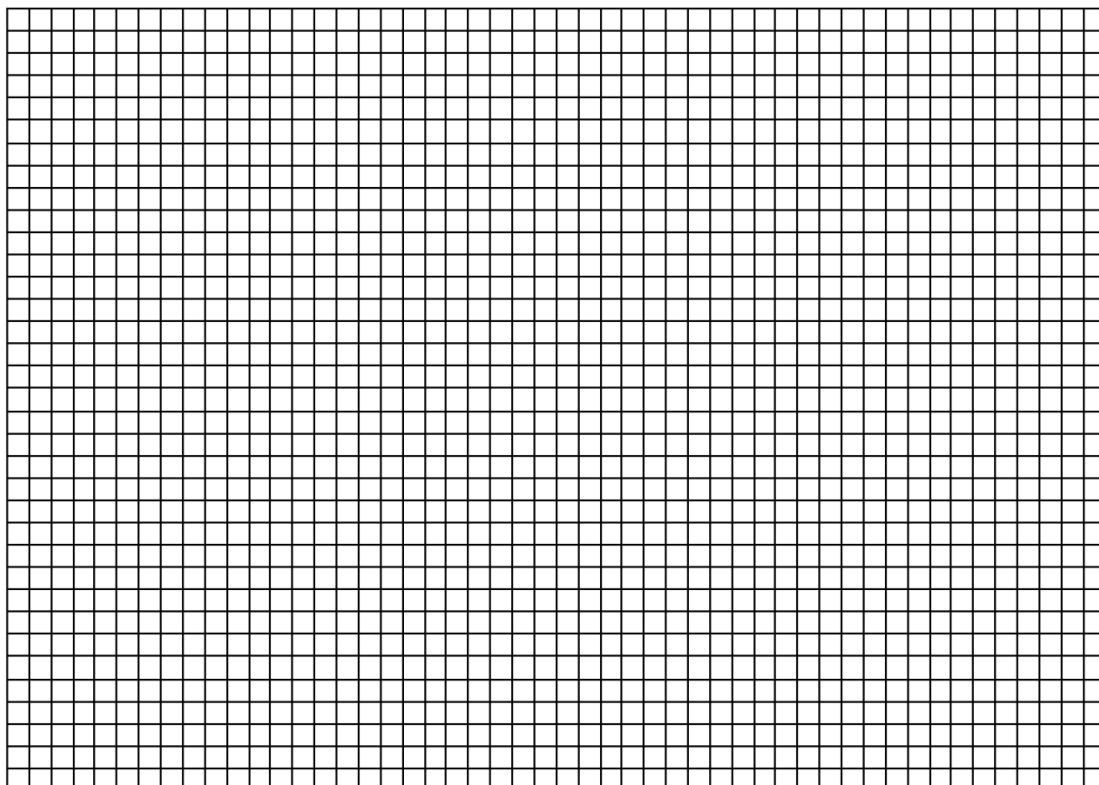
ضمیمه ۱



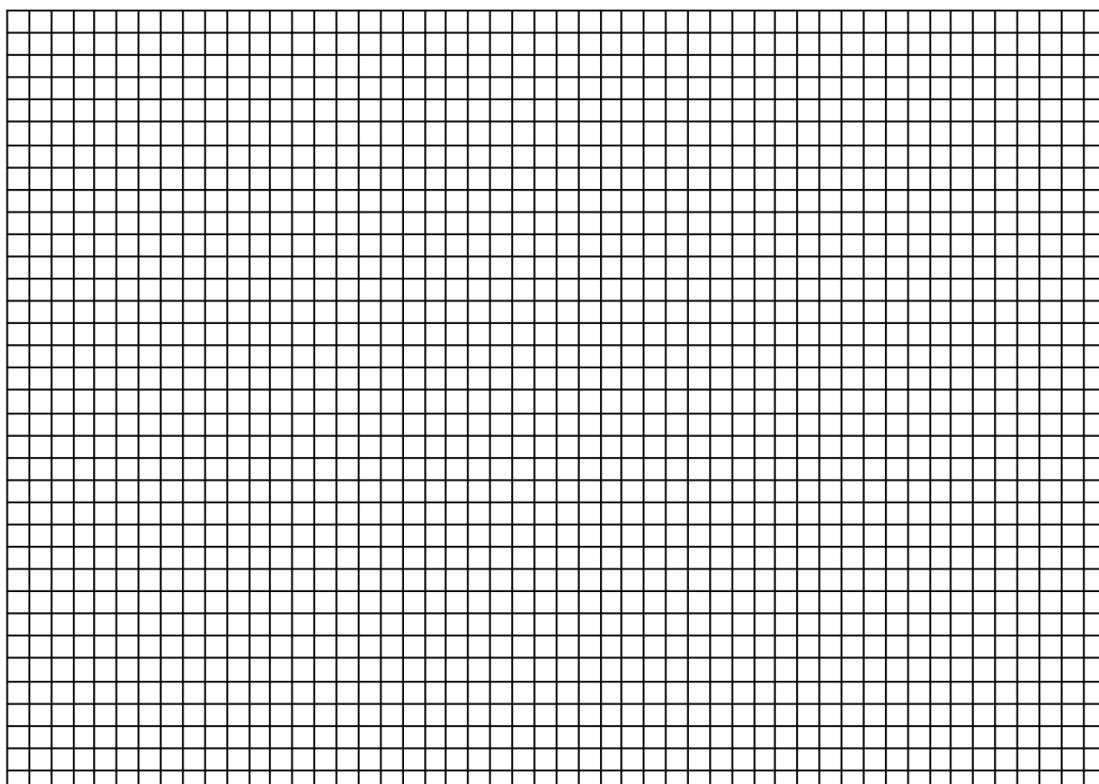
جامعه ۱



جامعه ۲



جامعه ۳



جامعه ۴

t Table

cum. prob	$t_{.50}$	$t_{.75}$	$t_{.80}$	$t_{.85}$	$t_{.90}$	$t_{.95}$	$t_{.975}$	$t_{.99}$	$t_{.995}$	$t_{.999}$	$t_{.9995}$
one-tail	0.50	0.25	0.20	0.15	0.10	0.05	0.025	0.01	0.005	0.001	0.0005
two-tails	1.00	0.50	0.40	0.30	0.20	0.10	0.05	0.02	0.01	0.002	0.001
df											
1	0.000	1.000	1.376	1.963	3.078	6.314	12.71	31.82	63.66	318.31	636.62
2	0.000	0.816	1.061	1.386	1.886	2.920	4.303	6.965	9.925	22.327	31.599
3	0.000	0.765	0.978	1.250	1.638	2.353	3.182	4.541	5.841	10.215	12.924
4	0.000	0.741	0.941	1.190	1.533	2.132	2.776	3.747	4.604	7.173	8.610
5	0.000	0.727	0.920	1.156	1.476	2.015	2.571	3.365	4.032	5.893	6.869
6	0.000	0.718	0.906	1.134	1.440	1.943	2.447	3.143	3.707	5.208	5.959
7	0.000	0.711	0.896	1.119	1.415	1.895	2.365	2.998	3.499	4.785	5.408
8	0.000	0.706	0.889	1.108	1.397	1.860	2.306	2.896	3.355	4.501	5.041
9	0.000	0.703	0.883	1.100	1.383	1.833	2.262	2.821	3.250	4.297	4.781
10	0.000	0.700	0.879	1.093	1.372	1.812	2.228	2.764	3.169	4.144	4.587
11	0.000	0.697	0.876	1.088	1.363	1.796	2.201	2.718	3.106	4.025	4.437
12	0.000	0.695	0.873	1.083	1.356	1.782	2.179	2.681	3.055	3.930	4.318
13	0.000	0.694	0.870	1.079	1.350	1.771	2.160	2.650	3.012	3.852	4.221
14	0.000	0.692	0.868	1.076	1.345	1.761	2.145	2.624	2.977	3.787	4.140
15	0.000	0.691	0.866	1.074	1.341	1.753	2.131	2.602	2.947	3.733	4.073
16	0.000	0.690	0.865	1.071	1.337	1.746	2.120	2.583	2.921	3.686	4.015
17	0.000	0.689	0.863	1.069	1.333	1.740	2.110	2.567	2.898	3.646	3.965
18	0.000	0.688	0.862	1.067	1.330	1.734	2.101	2.552	2.878	3.610	3.922
19	0.000	0.688	0.861	1.066	1.328	1.729	2.093	2.539	2.861	3.579	3.883
20	0.000	0.687	0.860	1.064	1.325	1.725	2.086	2.528	2.845	3.552	3.850
21	0.000	0.686	0.859	1.063	1.323	1.721	2.080	2.518	2.831	3.527	3.819
22	0.000	0.686	0.858	1.061	1.321	1.717	2.074	2.508	2.819	3.505	3.792
23	0.000	0.685	0.858	1.060	1.319	1.714	2.069	2.500	2.807	3.485	3.768
24	0.000	0.685	0.857	1.059	1.318	1.711	2.064	2.492	2.797	3.467	3.745
25	0.000	0.684	0.856	1.058	1.316	1.708	2.060	2.485	2.787	3.450	3.725
26	0.000	0.684	0.856	1.058	1.315	1.706	2.056	2.479	2.779	3.435	3.707
27	0.000	0.684	0.855	1.057	1.314	1.703	2.052	2.473	2.771	3.421	3.690
28	0.000	0.683	0.855	1.056	1.313	1.701	2.048	2.467	2.763	3.408	3.674
29	0.000	0.683	0.854	1.055	1.311	1.699	2.045	2.462	2.756	3.396	3.659
30	0.000	0.683	0.854	1.055	1.310	1.697	2.042	2.457	2.750	3.385	3.646
40	0.000	0.681	0.851	1.050	1.303	1.684	2.021	2.423	2.704	3.307	3.551
60	0.000	0.679	0.848	1.045	1.296	1.671	2.000	2.390	2.660	3.232	3.460
80	0.000	0.678	0.846	1.043	1.292	1.664	1.990	2.374	2.639	3.195	3.416
100	0.000	0.677	0.845	1.042	1.290	1.660	1.984	2.364	2.626	3.174	3.390
1000	0.000	0.675	0.842	1.037	1.282	1.646	1.962	2.330	2.581	3.098	3.300
Z	0.000	0.674	0.842	1.036	1.282	1.645	1.960	2.326	2.576	3.090	3.291
	0%	50%	60%	70%	80%	90%	95%	98%	99%	99.8%	99.9%
Confidence Level											