

Առաջադրանք 1

Կենսաինֆորմատիկա և կենսաստատիստիկա

Տևողությունը՝ 60ր

Այս առաջադրանքի համար կարող եք ստանալ առավելագույնը **50 միավոր**:
Առաջադրանքը կազմված է **3** անկախ մասերից.

- 1) Նուկլեոտիդային հաջորդականության հավասարեցում (**8 միավոր**)
- 2) Ծայրամասային արյան միակորիզ բջիջների դասակարգումը տրանսկրիպտոմային տվյալների հիման վրա (**28 միավոր**)
- 3) Մարգագետնային բույսերի տեսակային կազմի ուսումնասիրությունը (**14 միավոր**)

Անհրաժեշտ պարագաներ՝

1. Համակարգիչ
2. Մույն առաջադրանքի հավելված 1-ը, որը պարունակում է աշխատանքում օգտագործվող համակարգչային եզրույթներ (1 էջ)
3. Մույն առաջադրանքի հավելված 2-ը, որը ծանոթագրություն է գեների ֆունկցիոնալ (գործառութային)
4. Պատասխանների թերթիկ

Մաս 1. (8 միավոր) Նուկլեոտիդային հաջորդականության հավասարեցում

Հաջորդականությունների հավասարեցումը մեթոդ է, որի էությունը երկու կամ ավելի ԴՆԹ-ի, ՌՆԹ-ի կամ սպիտակուցային *հաջորդականությունների տեղադրումն է իրար տակ այնպես, որ պարզ երևան այդ հաջորդականությունների նման հատվածները*: Մոլեկուլների առաջնային կառուցվածքների նմանությունը կարող է վկայել դրանց ֆունկցիոնալ, կառուցվածքային կամ էվոլյուցիոն կապերի մասին: Սպիտակուցային կամ նուկլեոտիդային հավասարեցված հաջորդականությունները սովորաբար ներկայացվում են մատրիցի տեսքով, որտեղ յուրաքանչյուր հաջորդականությունը մեկ տող է: Այդպիսի մատրիցի օրինակ ներկայացված է ստորև:

C	C	A	A	C	C	A	C	A	A	C	T	A	G	A	T	G	T	C	C	T	C	C	C	T	G	A	G	A	C	C	T	T	C	C	C	A	A	C	C	C		
T	G	T	C	C	T	C	T	C	A	C	C	C	A	C	T	C	C	T	G	G	A	T	T	C	T	G	C	C	C	T	G	A	C	C	T	C	C	A	T	C	C	T
A	A	G	A	C	A	G	C	C	T	T	T	C	C	C	A	A	C	C	A	C	A	C	C	T	A	G	A	T	G	T	C	C	T	T	C	G	G	A	G	A	C	C
G	C	T	G	A	C	G	G	A	T	T	C	T	C	T	A	G	A	A	A	T	A	T	C	C	T	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Կենսաբանական հետազոտության մեջ օգտագործվող հաջորդականությունները հաճախ շատ երկար են: Այդ պատճառով դրանց հավասարեցումը, հավասարեցման գնահատումը և հաջորդիվ գործողությունները հնարավոր է իրականացնել միայն համակարգչային մեթոդների կիրառմամբ: Այս առաջադրանքում կկիրառեք MEGA

(Molecular Evolutionary Genetics Analysis) ձրագիրը հաջորդականությունները հավասարեցնելու համար:

Այս առաջարկանքում ձեզ տրված են *Gecko (զեկոնի)*, *Elapsoidea semiannulata (օձի)*, *Brachylophus fasciatus isolate (իզոնանի)*, *Lacerta agilis-ի (ձարպիկ մողեսի)* և *Ophisaurus ventralis (արևելյան թափանցամաշկ մողեսի)* cytB գենի սեկվենավորված հաջորդականությունները, որոնք պահվում են **sequences.fas** ֆայլում: Կատարեք այդ հաջորդականությունների հավասարեցումը՝ օգտվելով **ընթացակարգ 1**-ից:

ԸՆԹԱՑԱԿԱՐԳ 1. Հաջորդականությունների հավասարեցումը MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) ձրագրի ClustalW ալգորիթմով (հրամանների թարգմանությունները տես սույն աշխատանքի հավելված 1-ում)

1. Ակտիվացրեք MEGA7 ձրագիրը՝ տանելով մկնիկի կուրսորը համակարգչի էկրանի MEGA7 պատկերակի (տես ստորև) վրա և երկու անգամ սեղմեք ձախ ստեղծը: Կբացվի MEGA-ի հիմնական պատուհանը:



MEGA7-ի պատկերակը

2. MEGA-ի հիմնական պատուհանի մեջ սեղմեք **Align** ներդիրը և ընտրեք **Edit/Build Alignment** հրամանը:
3. Ընտրեք **Create New Alignment** և սեղմեք **Ok**: Կբացվի պատուհան, որը հարցնում է “Are you building a DNA or Protein sequence alignment?”: Սեղմեք “DNA” կոձակը: Կբացվի **Alignment Explorer** ենթապատուհանը:
4. **Alignment Explorer-ի** գլխավոր պատուհանից ընտրեք **Data** ներդիրի **Open** խմբի **Retrieve sequences from File** հրամանը: Կբացվի պատուհան, որը հարցնում է “Save the current alignment session to a file?”: Սեղմեք “No” կոձակը: Ընտրեք “**sequences.fas**” ֆայլը և սեղմեք “Open” կոձակը, որպեսզի ներմուծեք հաջորդականությունները ձրագրի մեջ:
5. Ընտրեք **Edit** ներդիրի **Select All** հրամանը, որպեսզի նշեք ներմուծված հաջորդականությունների բոլոր դիրքերը:
6. Ընտրեք **Alignment** ներդիրի **Align by ClustalW** հրամանը, որպեսզի հավասարեցնեք նշված հաջորդականությունները ըստ ClustalW ալգորիթմի: Սեղմեք **Ok**, որպեսզի ընդունեք սկզբնադիր կարգավորումները:
7. Պահպանեք հավասարեցված հաջորդականությունները՝ ընտրելով **Data** ներդիրի **Export Alignment** խմբի **MEGA format** հրամանը: Անվանեք ֆայլը “**ձեր կողը.meg**” (օրինակ՝ օլիմպիադայի մասնակցի ձեր կողն է 12345, հետևաբար անվանումը կլինի “12345.meg”): Սեղմեք **Save** կոձակը: Կհայտնվի **Title** պատուհանը. կրկին ներմուծեք ձեր կողը և սեղմեք **Ok** կոձակը: Այնուհետև կհայտնվի ևս մի պատուհան, որը հարցնում է “Protein-coding nucleotide sequence data?”: Հաստատեք՝ սեղմելով “Yes” կոձակը:
8. Այսպիսով կատարեցիք **sequences.fas** ֆայլում պահպանված սեկվենավորված հաջորդականությունների հավասարեցում և պահպանեցիք հավասարեցված

հաջորդականությունները **ձեռ կողք.meg** ֆայլում (**4 միավոր**): Այժմ մանրամասն ուսումնասիրեք հավասարեցված հաջորդականությունները: Հաջորդականությունում հիմքի հերթական համարը որոշելու համար անհրաժեշտ է սեղմել այդ հիմքի վրա. հերթական համարը կերևա պատուհանի ստորին ձախ հատվածում, ինչպես ցույց է տրված ստորև 21-րդ դիրքում գտնվող հիմքի համար.



Պատասխանեք **1.1-1.4 հարցերին**:

9. Ելք գործեք *Alignment Explorer* ենթապատուհանից՝ ընտրելով **Data** ներդիրի *Quit* հրամանը:
10. Ելք գործեք MEGA ծրագրից՝ սեղմելով **X** կոճակը:

Հարց 1.1 (1 միավոր)

Նշեք հաջորդականությունների 250-260 (ներառյալ) ՆՁ հատվածի n° դիրքերում (նշեք հիմքերի հերթական համարները) կա հիմք, որը նույնն է բոլոր տեսակների համար: Գրեք այդ հերթական համարները պատասխանների թերթիկի համապատասխան դաշտում:

Հարց 1.2 (1 միավոր)

Նշեք այն հիմքը, որը բոլոր տեսակների դեպքում գրված է հարց 1.1-ում որոշված դիրքերից առաջինում: Գրեք հիմքի սիմվոլը պատասխանների թերթիկի համապատասխան դաշտում:

Հարց 1.3 (1 միավոր)

Գրեք պատասխանների թերթիկի համապատասխան դաշտում այն տեսակի անունը, որի հաջորդականությունը մյուս տեսակների հաջորդականությունների համեմատ ունի ամենաշատ տարբերություններ 300-310 (ներառյալ) ՆՁ հատվածում: Ասելով՝ տվյալ դիրքում հաջորդականությունը ունի տարբերություն, հասկանում ենք, որ տվյալ դիրքում գտնվող հիմքը տարբերվում է բոլոր տեսակների հաջորդականություններում նույն դիրքում ամենահաճախ հանդիպող հիմքից:

Հարց 1.4 (1 միավոր)

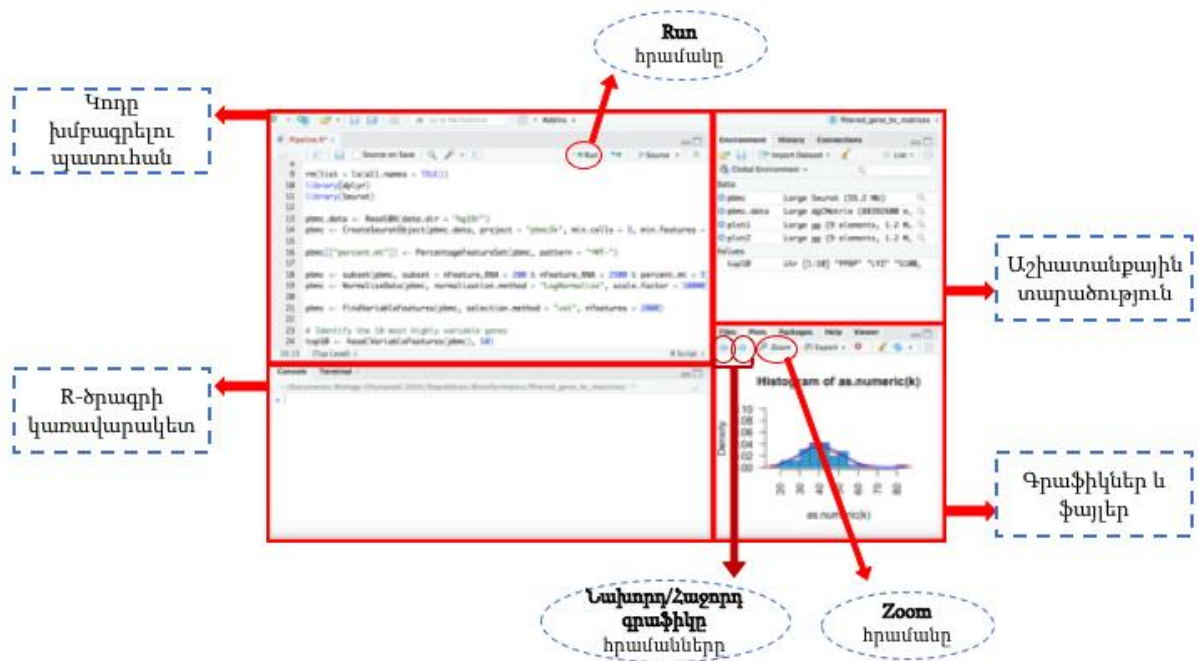
Գրեք պատասխանների թերթիկի համապատասխան դաշտում հաջորդականությունը 300-310 (ներառյալ) ՆՁ հատվածում փոփոխությունների ենթարկված այն երկու հիմքերի դիրքերը, որտեղ երկու հիմքերն էլ փոխարինվել են իրենց կոմպլեմենտար հիմքերով դիտարկվող տեսակներից որևէ մեկի հաջորդականությամբ:

Մաս 2. (28 միավոր) Ծայրամասային արյան միակորիզ բջիջների դասակարգումը տրանսկրիպտոմային տվյալների հիման վրա

Տրանսկրիպտոմ նշանակում է մեկ բջջի կամ բջիջների խմբի կողմից սինթեզված տրանսկրիպտների ամբողջություն, որը ներառում է իՌՆԹ և չկոդավորող ՌՆԹ: Այս աշխատանքում դուք դասակարգելու եք ծայրամասային արյան միակորիզ բջիջները՝ վերլուծելով նրանց **տրանսկրիպտոմային տվյալները**: Տվյալները բեռնվել են 10X Genomics-ի կայքից և պարունակում են 2,700 բջիջների Illumina NextSeq 500 երկրորդ սերնդի սեկվենավորման տեխնոլոգիայով սեկվենավորած հաջորդականություններ: Վերլուծությունը կատարելու համար հետևեք Ընթացակարգ 2-ին:

ԸՆԹԱՑԱԿԱՐԳ 2. Պերիֆերիկ արյան միակորիզ բջիջների դասակարգումը R-studio ծրագրի միջոցով գեների էքսպրեսիայի (արտահայտում) հիման վրա

1. Ակտիվացրեք **R-Studio** ծրագիրը՝ տանելով մկնիկի կուրսորը համակարգչի էկրանի **R-Studio** պատկերակի վրա և երկու անգամ սեղմեք ձախ ստեղծը: Կբացվի **R-Studio** -ի հիմնական պատուհանը, որն ունի հետևյալ տեսքը.



Նկար 1. R-Studio ծրագրի տեսքը:

Վողը խմբագրելու պատուհանում գրված են հրամանները, որոնք կօգտագործեք առաջադրանքը իրականացնելու համար: Յուրաքանչյուր հրաման գրված է մեկ առանձին տողի վրա: **Հրամանը կատարելու համար** անհրաժեշտ է.

- 1) ամբողջությամբ ընտրել հրամանի տողը ինչպես ցույց է տրված ստորև (55-րդ տողում գրված հրամանի համար).

```
53 # Դիտել յուրաքանչյուր կլաստերի համար 5 ամենամեծ էքսպրեսիայի ցուցանիշներով գեները:
54 head(կլաստեր0.ցուցանիշներ, n = 5)
55 head(կլաստեր1.ցուցանիշներ, n = 5)
56 head(կլաստեր2.ցուցանիշներ, n = 5)
```

2) սեղմել **Run** կոճակը, որը ցույց է տրված *Նկար 1*-ում:

R-ծրագրի կառավարակետ պատուհանում կարող եք դիտարկել ընթացիկ հրամանի կատարման գործընթացը:

Աշխատանքային տարածություն պատուհանը ցույց է տալիս ծրագրում առկա ակտիվ փոփոխականները:

Գրաֆիկներ և ֆայլեր պատուհանում կարող եք դիտարկել ձեր կառուցած գրաֆիկները: Տվյալ պահին ակտիվ գրաֆիկը դիտելու համար անհրաժեշտ է սեղմել **Zoom** կոճակը, որը ցույց է տրված *Նկար 1*-ում: Ձեր կառուցած նախորդ կամ հաջորդ գրաֆիկը դիտելու համար անհրաժեշտ է սեղմել «**նախորդ**» կամ «**հաջորդ**» **գրաֆիկը՝ սլաքների** տեսք ունեցող կոճակները, որոնք ցույց են տրված են *Նկար 1*-ում:

- 2. **R-Studio** ծրագրում աշխատելու համար անհրաժեշտ են գործիքներ, որոնք պահվում են գործիքների գրադարաններում: Գործիքների գրադարանները ներմուծելու համար Ձեզ անհրաժեշտ է **հեղթով** կատարել **2** և **3** տողերում գրված հրամանները:
- 3. Այժմ անհրաժեշտ է ներմուծել ծայրամասային արյան միակորիզ բջիջների գենային էքսպրեսիայի տվյալները: **Հեղթով** կատարեք **7** և **8** տողում գրված հրամանները:
- 4. Շնորհավորում ենք, տվյալները համակարգում են: Սակայն վերլուծելուց առաջ դրանք անհրաժեշտ է ենթարկել նախնական մշակման և նորմալացնել՝ **հեղթով** կատարելով **12-15** տողերում գրված հրամանները:
- 5. Այժմ սկսեք վերլուծել տվյալները: Նախ պարզեք, թե որ 10 գեներից յուրաքանչյուրի էքսպրեսիան է ամենաշատը տարբերվում հետազոտվող բջիջներում՝ կատարելով **19**-րդ տողում գրված հրամանը:
- 6. Կառուցեք գրաֆիկ, որը ցույց է տալիս գեների էքսպրեսիայի ստանդարտացված դիսպերսիայի կախումը (y-փոփոխական) էքսպրեսիայի արժեքի թվաբանական միջինից (x-փոփոխական)՝ **հեղթով** կատարելով **23-55** տողերում գրված հրամանները:
- 7. 6-րդ քայլում կառուցած գրաֆիկը դիտելու համար սեղմեք **Zoom** կոճակը: Կբացվի **Plot Zoom** ենթապատուհանը: Մանրամասն ուսումնասիրեք գրաֆիկը: Յուրաքանչյուր կետ ներկայացնում մեկ գեն: Ուշադրություն դարձրեք, որ որոշ կետերի վրա գրված են սիմվոլներ: Դրանք 5-րդ քայլում որոշված 10-ը գեների սիմվոլներն են: Պատասխանեք **2.1-2.3 Հարցերին**: Այնուհետև փակեք **Plot Zoom** ենթապատուհանը՝ սեղմելով **X** կոճակը:
- 8. Հաջորդ քայլով կատարեք բջիջների խմբերի կլաստերավորում (խմբավորում)՝ հիմնվելով տրանսկրիպտոմի տվյալների վրա: Այդ նպատակով **հեղթով** կատարեք **29-34** տողերում գրված հրամանները: Հաշվի առեք, որ հրամանների կատարումը կարող է տևել **մինչև 20 վայրկյան**: Եղեք համբերատար:

9. Կառուցեք 8-րդ քայլում ստեղծված կլաստերների գծապատկերը՝ կատարելով **38** տողում գրված հրամանը:
10. Դիտեք 9-րդ քայլում կառուցած գծապատկերը՝ սեղմելով **Zoom** կոճակը: Կբացվի **Plot Zoom** ենթապատուհանը: Մանրամասն ուսումնասիրեք գծապատկերը: Յուրաքանչյուր կետ ներկայացնում մեկ բջիջ, յուրաքանչյուր գույն՝ մեկ կլաստեր (խումբ): Իրար առավել մոտ տեղադրված կետերը վկայում են նմանատիպ էքսպրեսիայի ընդհանուր պատկերի մասին: Պատասխանեք **2.4 Հարցին**: Փակեք **Plot Zoom** ենթապատուհանը՝ սեղմելով **X** կոճակը:
11. Հաշվարկեք՝ ո՞ր գեներն են ամենաշատը էքսպրեսիայի ենթարված **թիվ 8 խմբում**՝ կատարելով **50** տողում գրված հրամանը: Հաշվի առեք, որ հրամանի կատարումը կարող է տևել **մինչև 50 վայրկյան**: Եղեք համբերատար:
12. **Թիվ 8** խմբի բջիջներում 5 ամենաբարձր էքսպրեսիայի արժեք ունեցող գեների սիմվոլները դիտելու համար կատարեք **62** տողում գրված հրամանը: **R-ծրագրի կառավարակետում** կհայտնվեն ձեզ հետաքրքրող գեների սիմվոլները՝ էքսպրեսիայի արժեքի նվազման կարգով: Պատասխանեք **Հարց 2.5-ին**:
13. Հաշվարկեք՝ ո՞ր գեներն են ամենաշատը SUNFENUYVAVO EFSUFRBSHUSH ենթարվել **թիվ 8 խմբում**՝ կատարելով **74** տողում գրված հրամանը: Հաշվի առեք, որ հրամանի կատարումը կարող է տևել **մինչև 5 վայրկյան**: Եղեք համբերատար:
14. **Թիվ 8** խմբի բջիջներում 5 ամենաբարձր SUNFENUYVAVO EFSUFRBSHUSH արժեք ունեցող գեների սիմվոլները դիտելու համար կատարեք **86** տողում գրված հրամանը: **R-ծրագրի կառավարակետում** կհայտնվեն ձեզ հետաքրքրող գեների սիմվոլները՝ էքսպրեսիայի արժեքի նվազման կարգով: Պատասխանեք **հարց 2.6-ին և հարց 2.7-ին**: Եթե **հարց 2.7-ին** Ձեր տված պատասխանը **A-ն** է, շարունակեք **քայլ 15-ից**: Եթե **հարց 2.7-ին** Ձեր տված պատասխանը **B-ն** է, շարունակեք **քայլ 17-ից**:
15. Հաշվարկեք՝ ո՞ր գեներն են ամենաշատ էքսպրեսիայի ենթարված **թիվ 0-7 խմբերից** յուրաքանչյուրում՝ հերթով կատարելով **42-49** տողերում գրված հրամանները: Հաշվի առեք, որ մեկ հրամանի կատարումը կարող է տևել **մինչև 40 վայրկյան**: Եղեք համբերատար:
16. **Թիվ 0-7 խմբերի** բջիջներում 5 ամենաբարձր էքսպրեսիայի արժեք ունեցող գեների սիմվոլները դիտելու համար հերթով կատարեք **52-61** տողերում գրված հրամանները: Յուրաքանչյուր հրամանից հետո **R-ծրագրի կառավարակետում** կհայտնվեն ձեզ հետաքրքրող գեների սիմվոլները՝ էքսպրեսիայի արժեքի նվազման կարգով: Պատասխանեք **2.8-2.9 հարցերին**: Շարունակեք **քայլ 19-ից**:
17. Հաշվարկեք՝ որ գեներն են ամենաշատը SUNFENUYVAVO EFSUFRBSHUSH ենթարվել **թիվ 0-7 խմբերից** յուրաքանչյուրում՝ հերթով կատարելով **66-73** տողերում գրված հրամանները: Հաշվի առեք, որ մեկ հրամանի կատարումը կարող է տևել **մինչև 40 վայրկյան**: Եղեք համբերատար:
18. **Թիվ 0-7 խմբերի** բջիջներում 5 ամենաբարձր SUNFENUYVAVO EFSUFRBSHUSH արժեք ունեցող գեների սիմվոլները դիտելու համար հերթով կատարեք **78-85** տողերում գրված հրամանները: Յուրաքանչյուր հրամանից հետո **R-ծրագրի կառավարակետում** կհայտնվեն ձեզ հետաքրքրող գեների սիմվոլները՝ SUNFENUYVAVO էքսպրեսիայի արժեքի նվազման կարգով: Պատասխանեք **2.8-2.9 Հարցերին**:
19. Մաս 2-ի **ԲՈՒՈՐ** հարցերին պատասխանելուց հետո մաքրեք միջավայրը՝ կատարելով **89-91** տողերում գրված հրամանները:

ՈՒՇԱԴՐՈՒԹՅՈՒՆ. միջավայրը չմաքրելու պարագայում Դուք կկորցնեք 2 միավոր:

Հարց 2.1 (1 միավոր)

Հիմնվելով գրաֆիկի վրա՝ պատասխանների թերթիկում լրացրեք այն 10 գների սիմվոլները, որոնցից յուրաքանչյուրի էքսպրեսիան ամենաշատն է տարբերվում հետազոտվող բջիջների խմբերում:

Հարց 2.2 (1 միավոր)

Համեմատելով հետազոտվող բջիջների խմբերը, պատասխանների թերթիկի համապատասխան դաշտում գրեք *2.1 հարցում* նշված գներից որի՞ էքսպրեսիան է ամենաշատը տարբերվում:

Հարց 2.3 (1 միավոր)

2.1 հարցում նշված գներից ո՞րի միջին էքսպրեսիան է ամենաբարձր:

Հարց 2.4 (2 միավոր)

Բջիջների ո՞ր խմբերում է էքսպրեսիայի ընդհանուր պատկերը զգալիորեն տարբերվում մնացած բոլոր խմբերում էքսպրեսիայի պատկերներից:

Հարց 2.5 (1 միավոր)

Որո՞նք են **թիվ 8 խմբի** գներում էքսպրեսիայի ամենաբարձր արժեք ունեցող 5 գների սիմվոլները:

Հարց 2.6 (1 միավոր)

Որո՞նք են **թիվ 8 խմբի** գներում SUNFENUCVUCO EFSUOLCULUZH ամենաբարձր արժեք ունեցող 5 գների սիմվոլները:

Հարց 2.7 (2 միավոր)

Ընտրեք, թե ստորև բերված տարբերակներից որի՞ պետք է հիմնվել բջիջների դասակարգումը կատարելու համար (նշեք պատասխանների թերթիկի համապատասխան դաշտը).

- A) *բջիջներում գների էքսպրեսիայի վրա*
- B) *գների տարբերակված էքսպրեսիայի վրա*

Հարց 2.8 (5 միավոր)

Եթե *հարց 2.7-ում* ընտրել էք **A** պատասխանը, ապա գրեք **0-7** յուրաքանչյուր խմբի համար էքսպրեսիայի ամենաբարձր արժեքը ունեցող գնի սիմվոլը:

Եթե *հարց 2.7-ում* ընտրել եք **B** պատասխանը, ապա գրեք **0-7** յուրաքանչյուր խմբի համար ՏԱՐԲԵՐԱԿՎԱԾ ԷՔՍՊԼԵՄԻԱՅԻ ամենաբարձր արժեքը ունեցող գենի սիմվոլը:

Պատասխանները գրանցեք պատասխանների թերթիկի համապատասխան դաշտերում:

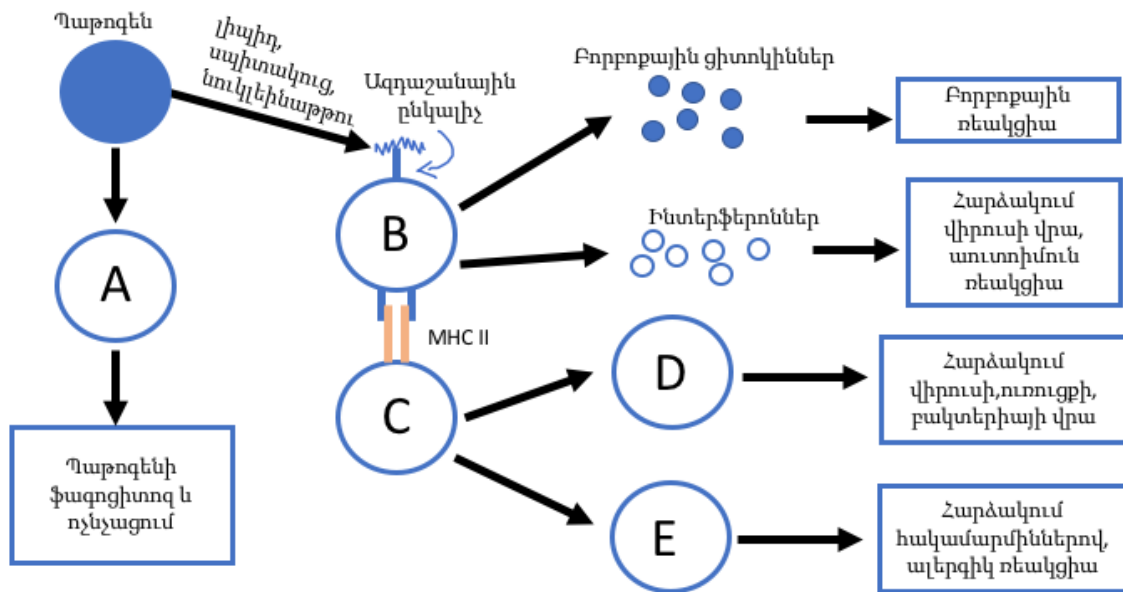
Հարց 2.9 (9 միավոր)

Հիմնվելով ձեր ստացած տվյալների և **Հավելված 2-ի** տեղեկությունների վրա պատասխանների թերթիկում զուգադրեք խմբերի համարները (**0-8**) ծայրամասային արյան միակորիզ բջիջների հետևյալ տեսակների հետ (**A-I**).

- | | | |
|---------------------|--------------|-------------------------|
| A) CD14+ Մոնոցիտ | D) Թրոմբոցիտ | G) Հիշողության T-հելփեր |
| B) FCGR3A+ Մոնոցիտ | E) T-հելփեր | H) B բջիջ |
| C) Դենդրիտային բջիջ | F) T-Քիլեր | I) Բնական քիլեր |

Հարց 2.10 (5 միավոր)

Նկար 2-ում պատկերված է իմունային պատասխանի սխեման, սակայն գործընթացին մասնակցող բջիջների փոխարեն գրված են **A-D** տառերը:



Նկար 2. Իմունային պատասխանի սխեմա:

Հարց 2.8-ում Ձեր տված պատասխանների և ունեցած գիտելիքների հիման վրա պատասխանների թերթիկի համապատասխան դաշտերում լրացրեք յուրաքանչյուր տառին (**A-E**) համապատասխանող բջջների խմբի համարը (**0-8**):

Մաս 3. (14 միավոր) Մարգագետնային բույսերի տեսակային կազմի ուսումնասիրությունը

Քսերոֆիլային լյուսային մարգագետինները Կենտրոնական Եվրոպայում տարածված, հարուստ տեսակային բազմազանություն ունեցող բույսերի ասոցացիաներ են: Այնտեղ աճող հիմնական բուսատեսակները չորադիմացկուն խոտաբույսեր են: Դրանց արոտացված և թեթևակիորեն դեգրադացված համակեցությունները բնութագրվում են **Festuca pseudovina** (շուղախոտ), **Stipa capillata** (փետրախոտ) և **Cynodon dactylon** (արվանտակ, շնատամ) տեսակների առկայությամբ: Այս առաջադրանքում դուք որոշելու եք երեք խոտաբույսերի հարաբերական տարածվածությունը և նրանց միջև փոխհարաբերության առկայությունը՝ հիմնվելով դաշտային ուսումնասիրության վրա: Դաշտում նմուշառման ժամանակ մենք դիտարկել ենք մի գծով շարված 500 հաջորդական քառակուսիներում հանդիպող տեսակները: Քառակուսիների չափերը եղել են 10x10սմ:

Հարց 3.1 (6 միավոր)

Ձեր պատասխանների թերթիկում լրացրեք համակցությունների երեք աղյուսակները, որոնք ներկայացնում են երեք տեսակներից ամեն գույգի համատեղ հանդիպելու դեպքերը (a-d, ինչպես նաև համապատասխան տողի և սյունակի գումարները) առաջին 40 քառակուսիներում (Աղյուսակ 1): Յուրաքանչյուր վանդակում գրված տառը (a, b, c, d) ծառայում է համատեղ հանդիպելու դեպքերի քանակը նկարագրող փոփոխականը նշելու համար (a = քառակուսիների թիվը, որտեղ երկու տեսակներն էլ առկա են եղել, b և c = քառակուսիների թիվը, որտեղից առկա է եղել տեսակներից միայն մեկը, d = քառակուսիների թիվը, որտեղ հետազոտվող տեսակներից ոչ մեկը չի հայտնաբերվել, + առկա, - բացակա): n-ը նմուշառման միավորների քառակուսիների թիվն է, որը այս դեպքում 40 է: Ուսումնասիրվել է բոլոր տեսակների առկայությունը: Ստորև բերված աղյուսակում ցույց է տրված ուսումնասիրված երեք տեսակների հանդիպման դեպքերը առաջին 40 քառակուսիներում: 1 արժեքը նշանակում է, որ տեսակը առկա է եղել, 0-ն՝ սովյալ տեսակը չի հանդիպել:

<i>Festuca pseudovina</i> (շուղախոտ)	00000 00000 00000 00000 00101 00000 00001 11011
<i>Stipa capillata</i> (փետրախոտ)	01100 11101 11010 10000 11110 01111 10110 00010
<i>Cynodon dactylon</i> (արվանտակ, շնատամ)	11000 00000 00010 00000 01000 00000 00000 00000

Աղյուսակ 1. Առաջին 40 քառակուսիներում տեսակների առկայության սովյալները:

Տեսակների տարածական կառուցվածքի փոխհարաբերության վերաբերյալ հետևությունները արվել են ամբողջ հետազոտվող տիրույթում (500 քառակուսի) տեսակների առկայության սովյալների հիման վրա: Փոխհարաբերությունը վերլուծվել է χ^2 (խի քառակուսի)-թեստի միջոցով՝ դիտարկելով համատեղ հանդիպելիու դրական կամ բացասական փոխհարաբերությունը կամ փոխհարաբերությունը բացակայությունը:

Բոլոր դիտարկված քառակուսիներում (n=500) երեք տեսակներից ամեն գույգի համատեղ հանդիպելու աղյուսակները հետևյալն են.

		<i>Festuca</i>		
		+	-	
<i>Stipa</i>	+	$a = 22$	$b = 271$	$a+b = 293$
	-	$c = 90$	$d = 117$	$c+d = 207$
		$a+c = 112$	$b+d = 388$	$n = 500$

		<i>Festuca</i>		
		+	-	
<i>Cynodon</i>	+	$a = 130$	$b = 163$	$a+b = 293$
	-	$c = 24$	$d = 183$	$c+d = 207$
		$a+c = 154$	$b+d = 346$	$n = 500$

		<i>Cynodon</i>		
		+	-	
<i>Stipa</i>	+	$a = 14$	$b = 140$	$a+b = 154$
	-	$c = 98$	$d = 248$	$c+d = 346$
		$a+c = 112$	$b+d = 388$	$n = 500$

Հարց 3.2 (1 միավոր)

Որոշեք χ^2 -թեստի համար ազատության աստիճանների թիվը (df) չորս դաշտ ունեցող համակցման աղյուսակում և գրեք այն պատասխանների թերթիկի համապատասխան վանդակում:

Հարց 3.3 (2 միավոր)

Օգտվելով տրված բանաձևից, հաշվեք χ^2 -ու արժեքը վերջին համակցման աղյուսակի համար՝ կլորացնելով այն երկու տասնորդական նիշի ճշտությամբ, և գրեք արդյունքը պատասխանների թերթիկում: Առաջին երկու աղյուսակների համար χ^2 -երի արժեքները ձեզ համար լրացված են:

$$\chi^2 = \frac{(n - 1)(ad - bc)^2}{(a + b)(c + d)(a + c)(b + d)}$$

Հավասարում 1. χ^2 -ու բանաձևը, որտեղ առանձին տառերը վերաբերում են համակցման աղյուսակի նշագրված դաշտերին (a-d):

Հարց 3.4 (2 միավոր)

Նշեք վիճակագրական նշանակալիության մակարդակը (p-արժեքը)՝ հիմնվելով χ^2 -ու աղյուսակի վրա (Աղյուսակ 2) եւ գրելով (A-D) տառերից մեկը ձեր պատասխանների թերթիկի համապատասխան վանդակում:

	<i>p-արժեքը</i>			
	A	B	C	D
<i>df</i>	$p > 0,05$	$0,05 \geq p > 0,01$	$0,01 \geq p > 0,001$	$0,001 \geq p$
1	$\chi^2 < 3,841$	$3,841 \leq \chi^2 < 6,635$	$6,635 \leq \chi^2 < 10,83$	$10,83 \leq \chi^2$
2	$\chi^2 < 5,991$	$5,991 \leq \chi^2 < 9,210$	$9,210 \leq \chi^2 < 13,82$	$13,82 \leq \chi^2$
3	$\chi^2 < 7,815$	$7,815 \leq \chi^2 < 11,35$	$11,35 \leq \chi^2 < 16,27$	$16,27 \leq \chi^2$
4	$\chi^2 < 9,488$	$9,488 \leq \chi^2 < 13,28$	$13,28 \leq \chi^2 < 18,47$	$18,47 \leq \chi^2$
5	$\chi^2 < 11,07$	$11,07 \leq \chi^2 < 15,09$	$15,09 \leq \chi^2 < 20,52$	$20,52 \leq \chi^2$
6	$\chi^2 < 12,59$	$12,59 \leq \chi^2 < 16,81$	$16,81 \leq \chi^2 < 22,46$	$22,46 \leq \chi^2$
7	$\chi^2 < 14,07$	$14,07 \leq \chi^2 < 18,48$	$18,48 \leq \chi^2 < 24,32$	$24,32 \leq \chi^2$
8	$\chi^2 < 15,51$	$15,51 \leq \chi^2 < 20,09$	$20,09 \leq \chi^2 < 26,13$	$26,13 \leq \chi^2$
9	$\chi^2 < 16,92$	$16,92 \leq \chi^2 < 21,67$	$21,67 \leq \chi^2 < 27,88$	$27,88 \leq \chi^2$
10	$\chi^2 < 18,31$	$18,31 \leq \chi^2 < 23,21$	$23,21 \leq \chi^2 < 29,59$	$29,59 \leq \chi^2$

Աղյուսակ 2. χ^2 -ի բաշխման կրիտիկական արժեքները ազատության տարբեր աստիճանների (df) դեպքում:

Հարց 3.5 (3 միավոր)

Հիմնվելով վերը նշվածի վրա, պատասխանների թերթիկում X-ով գնահատեք տարածական փոխհարաբերությունները (1-3) խոտաբույսերի երեք տեսակների միջև:

A. դրական փոխհարաբերություն

B. անկախ

C. բացասական փոխհարաբերություն

