



अनुक्रमणिका

1. बहुप्रयोगों के अन्तर्गत दो प्रतियोगी निराकरणीय परिकल्पनाओं के आपेक्षिक महत्व के परीक्षण के लिए विभेदी मेटा विश्लेषण  
मेहमत कोकाक, गावोलिन झेंग, गिरि नरसिंहन, ई. ओलूसेगन जॉर्ज तथा सौम्यादिप्ता पाइने
2. पुनरावृत्ति रेखाओं के उपयोग से मात्रात्मक बिन्दु पथ की पहचान के लिए वेज-पदानुक्रमिक निदर्श  
सुसान जे. साइमन्स, एन. ई. स्टेपलेटन, फेंग फेंग, किजन फेंग तथा कार्ल रिकानेक
3. अंकीय जीन अभिव्यक्ति के उपयोग से समसंभावन अभिव्यक्ति का विभेदन  
नावमी एस. आल्टमन, किंग्यू वांग, विशेष कार्वा तथा अलेक्सन्द्रा स्लावकोविक
4. दूरीक समष्टियों में सूचना आधारित संपिडित खंडीकरण  
फ्रेन्सेस्का चिआरोमोन्टे तथा जेम्स टेलर
5. क्रमित श्रेणियों में सहसंबंधित जीन अभिव्यक्ति आंकड़ों का विश्लेषण  
श्यामल डी. पेडेडा, शान एफ. हैरिस तथा ओरी डेविडोव
6. प्रोटीन संबंधी द्रव्यमान स्पेक्ट्रोस्कोपी विश्लेषण के साथ लैसोइंग मिश्रण  
गुवान जिंग तथा जे. सुनील राव
7. फसल सुधार के लिए सांख्यिकीय जिनोमिक्स - सुअवसर तथा चुनौती  
बी.एम. प्रसन्ना
8. सूक्ष्म व्यूह प्रयोगों के लिए दक्ष पंक्ति-स्तंभ अभिकल्पनाएँ  
अनन्त सरकार, राजेन्द्र प्रसाद, वी.के. गुप्ता, काशीनाथ चटर्जी तथा अभिषेक राठौड़



## बहुप्रयोगों के अन्तर्गत दो प्रतियोगी निराकरणीय परिकल्पनाओं के आपेक्षिक महत्व के परीक्षण के लिए विभेदी मेटा विश्लेषण

मेहमत कोकाक<sup>1</sup>; गावोलिन झेंग<sup>2</sup>; गिरि नरसिंहन<sup>3</sup>;  
ई. ओलूसेगन जॉर्ज<sup>1</sup> तथा सौम्यादिप्ता पाइने<sup>4</sup>  
सेंट जूडे शिशु अनुसंधान हॉस्पिटल, मेम्फिस  
टी.एन.-38103, यू.एस.ए.

जीन अभिव्यक्ति प्रयोग विभिन्न दशाओं में किए जाते हैं, वे हमें उसी जीन के लिए एक से अधिक परिकल्पनाओं के परीक्षण की सुविधा प्रदान करते हैं। उदाहरण के लिए यदि कोई विशेष जीन वैकल्पिक नियमन का पालन करता है तब जीव अभिव्यक्ति के आधार पर दोनों में से प्रत्येक के महत्व का आकलन विभिन्न दशाओं में किया जा सकता है। मुख्य रूप से यदि किसी विशेष जीन के लिए दो परिकल्पनाओं में से किसी परिकल्पना के पक्ष में सार्थकता का मान भिन्न हो तो मेटा विश्लेषण पद्धति से यह ज्ञात किया जा सकता है कि एक परिकल्पना दूसरे से श्रेष्ठ है। इसके विपरीत रूढ़िवादी मेटा विश्लेषण से इसका मूल्यांकन करना अत्यन्त कठिन होता है। इस नवीन मेटा विश्लेषण पद्धति से यह बहुत सरल होता है। इस प्रतिदर्श के बंटन को प्राप्त किया गया है तथा इस पद्धति का संख्यात्मक उदाहरण द्वारा समझाया गया है।

<sup>1</sup> मेम्फिस विश्वविद्यालय, मेम्फिस टी. एन. 38152, यू.एस.ए.

<sup>2</sup> नॉर्थ कैरोलिना नैशनल विश्वविद्यालय, डरहम, एनसी 27707, यू.एस.ए.

<sup>3</sup> फ्लोरिडा इंटरनेशनल विश्वविद्यालय, मियामी, यू.एस.ए.

<sup>4</sup> डाना-फार्बर कैंसर संस्थान, हार्वर्ड मैडिकल स्कूल, बोस्टन, एम.ए.; यू.एस.ए.

## पुनरावृत्ति रेखाओं के उपयोग से मात्रात्मक बिन्दु पथ की पहचान के लिए वेज-पदानुक्रमिक निदर्श

सुसान जे. साइमन्स; एन ई. स्टेपलेटन; फेंग फेंग\*;  
किजन फेंग\* तथा कार्ल रिकानेक  
उत्तरी कैरोलिना विश्वविद्यालय, विलमिंगटन,  
एन.सी., यू.एस.ए.

फसलों में पादप प्रजनन तथा जीन की पहचान के क्षेत्र में आनुवंशिक मान चित्रण पर मात्रात्मक लक्षण वाले स्थानों

की पहचान एक प्रमुख समस्या है। मात्रात्मक लक्षण बिन्दुपथ के लिए अनेक उपलब्ध अभिकलन पद्धतियों में केवल एक प्रेक्षण प्रति जीन संरचना बंटन की दर से उपलब्ध रहता है। उपलब्ध अभिकलन पद्धति में प्रयोग के लिए पादप रेखाओं में सूचनाओं को केवल एक प्रेक्षण के रूप में समाहित किया जाता है। रेखाओं के अन्तर्गत प्रमुख विचरण सूचनाओं की हानि होती है। यहाँ पर वेज-पदानुक्रमिक निदर्श के उपयोग से एक पद्धति का प्रस्ताव किया गया है जिसकी पादप रेखाओं में अनेक प्रेक्षण हों। इसके प्रभाव को दर्शाने के लिए एक वृहद् अनुकार अध्ययन किया गया है। वेज-0 × शाहदरा अराबीडोप्सिस थालियाना रेखा QTL प्रयोग पर इस अभिकलन पद्धति पर चर्चा की गई है।

\*एरिजोना विश्वविद्यालय, ए.जेड., यू.एस.ए.

## अंकीय जीन अभिव्यक्ति के उपयोग से समसंभावन अभिव्यक्ति का विभेदन

नावमी एस. आल्टमन; किंग्यू वांग;  
विशेष कार्वा तथा अलेक्सन्द्रा स्लावकोविक  
पेनसिलवेनिया स्टेट विश्वविद्यालय, यूनिवर्सिटी पार्क,  
पी.ए. 16802, यू.एस.ए.

अनेक जीवों में एक जीन से बहु mRNA समसंभावनों को उत्पन्न करके वैकल्पिक संबंधन प्रोटीन संबंधी जटिलताओं में वृद्धि होती है। इसलिए जैव प्रकार्य को समझने के लिए सभी जीन अभिव्यक्ति के मात्रात्मकीकरण से किसी विशेष mRNA समसंभावना अभिव्यक्ति स्तर का मात्रात्मकीकरण अधिक महत्वपूर्ण है। दूसरी पीढ़ी में अति उच्च संदेश प्रवाह अनुक्रमण तकनीक से सभी जीनों की अभिव्यक्तियों को सीधे रूप से केवल प्रतिदर्श में mRNA की पहचान से ही माप सकते हैं। इस लेख में अंकीय जीन अभिव्यक्ति आंकड़ों से समसंभावना अभिव्यक्ति के निवेदन के लिए सांख्यिकीय विधियों पर विचार किया गया है।

## दूरीक समष्टियों में सूचना आधारित संपिंडित खंडीकरण

फ्रेन्सेस्का चिआरोमोन्टे तथा जेम्स टेलर\*

पेनसिलवेनिया स्टेट विश्वविद्यालय यूनिवर्सिटी  
पार्क-पी.ए. 16802, यू.एस.ए.

इस लेख में दूरीक समष्टि के अन्तर्गत आकाशीय समीपस्थ समूहों में संपिंडित बिन्दुओं को लाने का प्रस्ताव किया गया है। आंकड़ों में यह बिन्दु दूरी तथा बारम्बारता दोनों में भिन्न-भिन्न होते हैं। दूरियों के रूढ़वादी मापदंड के उपयोग से इसे प्राप्त किया गया है। यह सूचना आधारी संपिंडित खंडीभवन विशेष रूप से उन आंकड़ों के समूहीकरण में प्रभावी होता है जो आकाशीय विभिन्नता वाले गुच्छों में नहीं होते हैं। अनेक वैज्ञानिक उपयोगों में आंकड़ों की जटिलता कम करने के लिए इसका प्रयोग किया जा सकता है। इस पद्धति को अनुकारित आंकड़ों द्वारा दर्शाया गया है।

\*इमोरी विश्वविद्यालय, अटलान्टा, जी ए 30322, यू.एस.ए.

## क्रमित श्रेणियों में सहसंबंधित जीन अभिव्यक्ति आंकड़ों का विश्लेषण

श्यायल डी. पेडेडा; शान एफ. हैरिस<sup>1</sup> तथा  
ओरी डेविडोव<sup>2</sup>

एन.आई.ई.एच.एस, एन.आई.एच, एन.सी., यू.एस.ए.

बारम्बार माप द्वारा प्राप्त सूक्ष्म व्यूह जीन अभिव्यक्ति के आंकड़ों के श्रेणियों के विश्लेषण के लिए एक बूटस्ट्रैप आधारित पद्धति का प्रस्ताव किया गया है। क्रमिक प्रतिबंधित निष्कर्ष के उपयोग से प्रस्तावित अप्राचल विधि की तुलना क्रमिक व प्रायोगिक दशा में जीन अभिव्यक्ति से की गई है। सार्थकता परीक्षण के लिए अवशेष का सुयोग्य ढंग से बूटस्ट्रैप द्वारा शून्य बंटन प्राप्त किया गया है। इस पद्धति में दो प्रकार के सहसंबंध आते हैं (1) चिप के अन्दर सहसंबंध तथा (2) सबजेक्ट के अन्दर सह संबंध परिकलन विधि को दक्ष बनाने के लिए गुओ तथा पेडेडा (2008) द्वारा प्रतिपादित बूटस्ट्रैप पद्धति का प्रयोग किया गया है। इससे FDR को प्रत्याशित स्तर तक नियन्त्रित किया जा सकता है।

<sup>1</sup>एस.आर.ए. इंटरनेशनल, इंक, डरहम, एन.सी., यू.एस.ए.

<sup>2</sup>हैफा-विश्वविद्यालय, हैफा, इजराइल

## प्रोटीन संबंधी द्रव्यमान स्पेक्ट्रोस्कोपी विश्लेषण के साथ लैसोइंग मिश्रण

गुवान जिंग तथा जे सुनील राव\*

ब्रिस्टल-माइर्स स्किल, न्यूयार्क, यू.एस.ए.

परिमित मिश्रण निदर्श के लिए एक नवीन आकलन पद्धति का प्रस्ताव किया गया है। इस पद्धति में मिश्रण पदार्थों की संख्या का आकलन महत्वपूर्ण होता है। रूढ़िवादी पद्धतियां या तो अनुक्रमिक परिकल्पना परीक्षण करती हैं या कुछ मान्यताओं जैसे AIC, BIC तथा KL दूरी के आधार पर निदर्श का चयन करती हैं। घटकों के घनत्व को प्राग्वत्ता माना गया है तथा संतृप्त मिश्रण निदर्श के CDF/PDF पर आधारित कूट्म अनुक्रिया का मान ज्ञात किया गया है। लासो तथा ली व्यवरोध इष्टतमीकरण जो अधिकतर घटकों के शून्य मान दर्शाते हैं उनके प्रयोग से विरल घटक का निरूपण किया जाता है। तब लासो तथा इम की पद्धतियों के मध्य पुनरावृत्त द्वारा घटक का घनत्व तथा उसका भार ज्ञात किया जाता है। यह पद्धति अत्यन्त व्यापक है तथा इसे परिमित बहुचरीय मिश्रण तथा अप्रसामान्य घटकों के लिए भी प्रयोग किया जा सकता है। इस पद्धति की दक्षता अनेक अनुकार उदाहरणों द्वारा दर्शाई गई है। इस पद्धति को ओवरियन कैंसर बीमारों की समस्याओं का वर्गीकरण प्रोटीन मास स्पेक्ट्रोस्कोपी आंकड़ों के आधार पर किया गया है।

\*केस वेस्टर्न रिजर्व विश्वविद्यालय, ओहियो, यू.एस.ए.

## फसल सुधार के लिए सांख्यिकीय जिनोमिक्स - सुअवसर तथा चुनौती

बी.एम. प्रसन्ना

सिमेट एण्डो, मैक्सिको, डी.एफ.मैक्सिको

आण्विक आंकड़ों का समलक्षणी आंकड़ों के साथ प्रभावी एवं समुचित सांख्यिकीय विश्लेषण से आनुवांशिक तथा आण्विक जटिल समलक्षणी विशेषक की अधिक जानकारी हो सकती है। फसल के पौधों में जीनोम अनुक्रमण के तीव्र सुधार के साथ सांख्यिकीय पद्धतियों में विकास के द्वारा मात्रात्मक विशेषक लोसाई (QTL) जो विशेषक के व्यूह को प्रभावित करते हैं, की जानकारी होती है। इसके साथ इसमें प्रवल (QTLs) होता है, जीन प्ररूप  $\times$  पर्यावरण अनन्योक्रिया

का विश्लेषण होता है तथा मेटा विश्लेषण से जागरूक QTL की पहचान होती है। आनुवांशिक जिनोमिक्स से अभिव्यक्ति (eQTL) और यहाँ तक कि एपी जिनोमिक QTL का ज्ञान होता है। इन सभी समुन्नति विधियों ने सांख्यिकीविदों, जीवविज्ञानी, आनुवांशिकी विशेषज्ञ तथा अणुविज्ञानी आदि को अत्यन्त परस्पर ला दिया है, जिससे वे एक साथ जिनोमिक्स पर अपना ध्यान केन्द्रित कर फसल उत्पादन में सुधार कर सकें। इस लेख में ऐसे कुछ कार्यों का विवरण दिया हुआ है।

### सूक्ष्म व्यूह प्रयोगों के लिए दक्ष पंक्ति-स्तंभ अभिकल्पनाएं

अनन्त सरकार, राजेन्द्र प्रसाद<sup>1</sup>, वी.के. गुप्ता<sup>1</sup>;  
काशीनाथ चटर्जी<sup>2</sup> तथा अभिषेक राठौड़<sup>3</sup>

राष्ट्रीय कृषि अनुसंधान प्रबंध अकादमी, हैदराबाद

इस लेख के अन्तर्गत दो कलर सूक्ष्म व्यूह प्रयोगों में जहाँ जीन का एक समूह प्रत्येक व्यूह में हों, के लिए दक्ष अभिकल्पनाओं की समस्या से अवगत कराया गया है। अब तक सूक्ष्म व्यूह प्रयोगों के लिए अभिकल्पनाओं की इष्टतमता पर विचार किया गया है। यह प्रतिबंधित निदर्श पर आधारित होता है जहाँ व्यूह तथा किस्म के ही प्रभाव होते हैं। इस निदर्श में रंजक का प्रभाव नहीं होता है। यदि निदर्श में रंजक प्रभाव को लिया जाए तो अभिकल्पना पंक्ति-स्तंभ

अभिकल्पना की भांति होती है जहाँ व्यूह, स्तंभ, रंजक, पंक्ति तथा किस्म, उपचार प्रकट करते हैं। इसके अतिरिक्त सूक्ष्म व्यूह प्रयोगों के व्यूह प्रभाव को यादृच्छिक माना जाता है। इसके लिए केर तथा चर्चिल 2001  $a$ ; ली 2004 का अवलोकन करें स्थिर/मिश्र प्रभाव के निदर्श में दक्ष पंक्ति-स्तंभ अभिकल्पनाओं को प्राप्त करने के लिए इकलोस्टान तथा जोन्स (1980) तथा राठौड़ (2006) के अभिकल्पना पद्धति में कुछ सुधार किया गया है। परिकल्पना पद्धति को कम्प्यूटर प्रोग्राम में माइक्रोसॉफ्ट विजुअल C++ में दर्शाया गया है। यह पद्धति अत्यंत व्यापक है तथा इसका उपयोग दक्ष पंक्ति-स्तंभ अभिकल्पनाओं जैसे  $2 \leq k \leq v$  जहाँ  $v$  उपचार की संख्या तथा  $k$  पंक्तियों की संख्या है; के लिए किया जा सकता है। कम्प्यूटर संबंधित खोज का काम सभी संभव उपचार की तुलना  $k = 2$  सभी प्राचलों के  $3 \leq v \leq 10$ ,  $v \leq b \leq v(v-1)$ ;  $2, 11 \leq v \leq 25$ ,  $b = v$  तथा  $(v, b) = (11, 13), (12, 14), (13, 14)$  तथा  $(13, 15)$  किया गया है जहाँ  $b =$  व्यूह की संख्या है। सभी दक्ष पंक्ति-स्तंभ अभिकल्पनाएँ जो स्थिर प्रभाव निदर्श के अन्तर्गत प्राप्त की गई हैं, उनकी तुलना सर्वोत्तम अभिकल्पनाओं में की गई है। इनमें 45 अभिकल्पनाएं श्रेष्ठ पाई गईं। 3-कालर सूक्ष्म-व्यूह प्रयोगों के लिए परिकल्पना विधि का सामर्थ्य एक उदाहरण द्वारा समझाया गया है।

<sup>1</sup>भा.कृ.सां.अ.स., पूसा, नई दिल्ली

<sup>2</sup>विश्व भारती विश्वविद्यालय, शान्ति निकेतन, पश्चिमी बंगाल

<sup>3</sup>आई.सी.आर.आई.एस.ए.टी., हैदराबाद