

B. Kopociński

Instytut Matematyczny Uniwersytetu Wrocławskiego

Sekwencje płci u kurcząt

Punktem wyjścia do niniejszej komunikatu jest materiał doświadczalny wypracowany przez L. Szopę (1909–1976), zawierający sekwencję płci jaj zniesionych przez 18 kur w ciągu około dwóch lat życia. Zgromadzony materiał obejmował 6702 jaja, z czego 2443 jaja + (płeć męska), 2519 jaj – (płeć żeńska), 1740 jaj 0 (płci nierozpoznanej), dni przerw kodowano kropką. Główny wynik w [1] i [2] zawarto w stwierdzeniu, że liczebności par ++, +–, –+, –– w łącznej sekwencji dla wszystkich kur są istotnie zróżnicowane, przy czym liczba par zgodnych jest istotnie większa aniżeli par niezgodnych. Efekt przeciwny, a więc mniejszą liczebność par zgodnych aniżeli par niezgodnych demonstrują pary kurcząt przedzielonych przerwą.

Celem komunikatu jest uzupełnienie analiz materiału doświadczalnego L. Szopy o dodatkowe fakty i sformułowanie hipotez dotyczących mechanizmów wyjaśniających je. W analizie posłużymy się długością serii jednakowych znaków w sekwencji i częstością charakterystycznych wzorców znaków. Obserwacja serii płci między przerwami pozwala na stwierdzenie, że po kropce jest nadwyżka par zgodnych, ponadto, że co najmniej dwa dni przerwy albo 0 stanowią zdarzenie rekurencyjne.

Wzorcowym modelem analizy jest model Bernoulliego niezależnych zdarzeń binarnych sukces-porażka z $P(+)=p$, $P(-)=1-p=q$. Weźmiemy też pod uwagę dwa alternatywne mechanizmy budowy sekwencji płci. Parametry wprowadzonych modeli matematycznych estymujemy metodą największej wiarygodności, natomiast zgodność rozkładów hipotetycznych z empirycznym i niezależność zdarzeń testujemy testem *chi kwadrat*.

Do testowania modelu Bernoulliego użyto długości serii jaj tej samej płci. Estymujemy jeden parametr p , a test χ^2 daje podstawy do odrzucenia modelu.

W myśl hipotezy A, nazywanej modelem zgodnych następstw, długość X serii plusów jest zmienną losową o rozkładzie geometrycznym z parametrem p_1 , natomiast długość Y serii minusów jest zmienną losową o rozkładzie geometrycznym z parametrem p_2 . Przy założeniu niezależności X , Y płć jaj w sekwencji stanowi łańcuch Markowa. Także i tu estymacja parametrów i obliczenie wartości testu χ^2 daje podstawy do odrzucenia hipotezy A.

W myśl hipotezy B, nazywanej modelem zgodnych par, sekwencję płci tworzą *single*, to znaczy pojedyncze jaja określonej płci oraz *dublety* — pary jaj tej samej płci. W tworzeniu się bloku, z prawdopodobieństwem d pojawia się jeden znak, a z prawdopodobieństwem $1-d$ dwa znaki. Zakładamy teraz, że bloki tworzą ciąg Bernoulliego sukcesów (plus bądź dublet plusów) lub porażką (minus bądź dublet minusów). Test pozwala model B odrzucić, ale zgodność jest lepsza aniżeli w modelach Bernoulliego i A.

Biorąc pod uwagę hipotezy A i B równocześnie otrzymujemy model zgodnych następstw i zgodnych par. Zakładamy więc, że serie plusów albo minusów w sekwencji wirtualnej są realizowane w postaci bloków, natomiast bloki stanowią łańcuch Markowa o danej macierzy przejścia. Estymacja sześciu parametrów pozwala na dobre dopasowanie modelu do danych empirycznych. Najbardziej wiarygodny jest wniosek, że po dublecie najczęściej następuje zmiana płci na przeciwną.

Literatura

- [1] J. Perkal, L. Szopa, *O sekwencji płci kurcząt*, Roczniki Nauk Rolniczych, **81**-b-3, 499–523.
- [2] B. Kopociński, J. Perkal, L. Szopa, *O sekwencji płci kurcząt*, II, Sprawozdania Wrocławskiego Towarzystwa Naukowego **20** (1965), B, 6–9.