УДК 636.32/.38:681.3.016

МЕТОД ВИЗНАЧЕННЯ ГЕНЕТИЧНИХ КОРЕЛЯЦІЙ СЕЛЕКЦІЙНИХ ОЗНАК

О.І.Горлов, канд. с.-г. наук
К.А. Івіна, І.О. Мокєєв, Т.Г. Герасименко, О.П. Чічаєва

Інститут тваринництва степових районів імені М.Ф.Іванова "Асканія-Нова" – Національний селекційно-генетичний центр з вівчарства

Проаналізовано існуючі методи визначення генетичних кореляцій і на конкретних прикладах показано їх недосконалість. Запропоновано застосування часткових кореляцій для визначення генетичних кореляцій і розроблено алгоритми визначення часткових кореляцій через множинні. В алгоритмі використовуються лінійні багатофакторні моделі залежності ознаки нащадка від селекційних ознак предків і математичний апарат векторної алгебри. Алгоритм реалізовано у середовищі баз даних.

Ключові слова: вівці, генетичні кореляції, часткові кореляції, коефіцієнт кореляції, метод, алгоритм, селекційні ознаки.

Кореляційний аналіз знаходить широке застосування при виявленні взаємозв'язків селекційних ознак у тваринництві. В більшості випадків інтерпретація результатів кореляційного аналізу ускладнюється багатофакторністю, зовнішніми умовами, генотипом організму, моментом спостереження (стадією розвитку) тощо. З цієї причини фенотипові кореляції надзвичайно лабільні і недостатньо інформативні, оскільки неявно в них присутній вплив інших ознак, які не увійшли до моделі. Сучасне широке трактування генотипу, як єдиної системи взаємодіючих спадкових елементів, що впливають на розвиток організму, по суті визначене В.Л. Йогансеном: "Генотип – це сукупність усіх спадкових задатків. Фенотип є сумою різних властивостей, які визначаються взаємодією між спадковими задатками і впливом середовища" [1].

У відповідності з основними типами біологічної мінливості ознак прийнято розрізняти наступні основні типи кореляцій між ними: фенотипові, екологічні, генетичні. Очевидно, що змістовний

кореляційний аналіз можливий лише при врахуванні ефектів окремих факторів мінливості [2-4].

Для кореляційного аналізу, який проводиться в селекційно-генетичних цілях, найбільше практичне значення має виявлення ефектів генетичних відмінностей (генетичні кореляції) і коливань зовнішнього середовища (екологічні кореляції). Особлива роль при цьому належить генетичній кореляції, яка є об'єктивною основою створення породи. Генетичні кореляції засновані безпосередньо на процесах, які відбуваються на рівні геному і необхідні для вирішення окремих важливих задач селекції (оцінка за комплексом ознак методом селекційних індексів), однак в їх розрахунках немає однозначності та чіткої визначеності.

Актуальність аналізу існуючих методів визначення генетичних кореляцій селекційних ознак і необхідність їх удосконалення обумовлена тим, що за ними можна отримати парадоксальні, а тому нез'ясовні, позбавлені сенсу значення коефіцієнтів генетичної кореляції, що перевищують одиницю, дорівнюють нескінченності або є уявними. Цієї точки зору додержуються й інші автори [5].

Вважаємо можливим використання часткових кореляцій, як міри генетичних кореляцій, тому що часткова кореляція показує чистий (незалежний від інших факторіальних ознак) вплив факторіальної на результативну ознаку при її включенні до багатофакторної моделі. Це відповідає і поняттю генетичної кореляції.

Існує декілька незалежних способів вираховування часткових кореляцій ознак вищих порядків через нижчі.

Ф.Мілс для розрахунку часткових кореляцій вищих порядків через нижчі використовує рекурентні формули (при цьому звичайні парні кореляції вважаються частковими – нульового порядку) [6].

Дж. Едні Юл і Морис Дж. Кендел наводять формули визначення часткових кореляцій порядку m через коефіцієнти стандартизованих рівнянь множинної регресії попередніх порядків [7].

К. Фокс і М. Езекіел пропонують спосіб визначення часткових кореляцій порядку m через множинні кореляції m та m–1 порядку лінійної моделі зв'язку [8], який ми застосовуємо для обчислення фактичних значень генетичних кореляцій.

Матеріал і методика досліджень. На ретроспективних даних овець різних напрямів продуктивності (племзаводи: "Асканія-Нова", "Асканійське", "Чорноморський") визначені величини генетичних кореляцій селекційних ознак і проведена їх порівняльна оцінка. Коефіцієнти генетичних кореляцій обраховані за чотирма формулами Хейзеля-Фолконера [9-10]. За тими ж самими даними визначені значення генетичних кореляцій селекційних ознак за методом часткових.

Часткові кореляції $r_{k,j.m}$ визначені за методом К. Фокса і М. Езекіела, суть якого у наступному:

$$r_{k,j.m} = ((R_{k.m} - R_{j.m-1}) / (1 - R_{j.m-1}))^{1/2} \qquad (1)$$

зі знаком відповідного коефіцієнта стандартизованого рівняння регресії порядку m: Sign ($r_{k,j.m}$) = Sign($\beta_{k,j.m}$),

де R_m - коефіцієнт множинної кореляції багатофакторної лінійної моделі залежності певної селекційної ознаки нащадка від декількох (m) ознак предків;

R_{m-1} - коефіцієнт множинної кореляції аналогічної моделі, в котрій виключено ознаку, для якої визначається генетична кореляція нащадка із всіма іншими ознаками предків.

Коефіцієнт множинної кореляції R_m та R_{m-1} визначається із співвідношення:

$$R_m = \Sigma\, \beta_j \cdot r_{k,j} \qquad k=1,2.3\ldots m; \qquad j=1,2.3\ldots m; \quad (2),$$

де $r_{k,j}$ - коефіцієнт звичайної парної (фенотипої) кореляції k-ої результативної ознаки з j-ою факторіальною ознакою;

β_j – коефіцієнти стандартизованого рівняння регресії, які виражаються через коефіцієнти регресії b_j. Коефіцієнти регресії є коренями системи нормальних рівнянь, отриманих за методом найменших квадратів.

Однак невідомі β-коефіцієнти можна визначити безпосередньо рішенням матричного рівняння [11], яке є на порядок нижче системи нормальних рівнянь (3):

$$\begin{vmatrix} \beta_1 \\ \ldots \\ \beta_j \\ \ldots \\ \beta_m \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} r_{11} \ldots r_{1j} \ldots r_{1m} \\ \ldots\ldots\ldots\ldots\ldots \\ r_{i1} \ldots r_{ij} \ldots r_{im} \\ \ldots\ldots\ldots\ldots\ldots \\ r_{m1} \ldots r_{mj} \ldots r_{mm} \end{vmatrix}^{-1} * \begin{vmatrix} r_{y1} \\ \ldots \\ r_{yi} \\ \ldots \\ r_{ym} \end{vmatrix} \qquad (3)$$

Квадратна матриця (3) являє собою повний набір кореляцій факторіальних ознак: матриця-стовпець правої частини рівняння є кореляцією результативної ознаки (предків) з усіма факторіальними ознаками (нащадків).

Результати досліджень. Коефіцієнти генетичних кореляцій тонкорунних овець, які вирахувано за чотирма формулами Хейзеля-Фолконера, наведено у таблиці 1.

Таблиця 1. Генетичні кореляції селекційних ознак тонкорунних овець за методом Хейзеля-Фолконера

RGi	Номер барана							
	338	**395**	**3267**	**3329**	**3340**	**3341**	**3343**	**4606**
Жива маса / довжина								
RG1	УЯВ	+0.400	+0.547	+0.027	+1.481	УЯВ	УЯВ	УЯВ
RG2	УЯВ	+0.400	+0.541	УЯВ	+1.481	УЯВ	УЯВ	УЯВ
RG3	УЯВ	+0.400	+0.462	-0.219	+1.499	УЯВ	УЯВ	УЯВ
RG4	УЯВ	+0.399	+0.632	+0.274	+1.463	УЯВ	УЯВ	УЯВ
Жива маса / настриг								
RG1	УЯВ	-0.027	-0.315	УЯВ	-1.291	-2.199	+1.117	-7.599
RG2	УЯВ	УЯВ	УЯВ	УЯВ	+1.108	+1.892	УЯВ	+7.232
RG3	УЯВ	-0.306	+0.020	УЯВ	-0.628	-3.320	+2.492	-9.931
RG4	УЯВ	+0.252	-0.650	УЯВ	-1.954	-1.078	-0.258	-5.266
Довжина / настриг								
RG1	+0.054	+0.094	+0.439	УЯВ	-0.998	УЯВ	УЯВ	УЯВ
RG2	+0.052	УЯВ	+0.428	УЯВ	+0.943	УЯВ	УЯВ	УЯВ
RG3	+0.038	-0.051	+0.539	УЯВ	-1.324	УЯВ	УЯВ	УЯВ
RG4	+0.070	+0.240	+0.340	УЯВ	-0.672	УЯВ	УЯВ	УЯВ

Примітка: символами УЯВ позначено результати обчислювань, які є уявними.

Як видно з даних таблиці, в багатьох випадках результати, отримані для одних і тих же пар ознак за різними формулами, відрізняються один від одного (наприклад баран 3267). Значна кількість кореляцій перевищує одиницю (баран - 3340), майже половина значень – уявна (барани – 3341, 3343, 4606 та інші), що неможливо інтерпретувати, оскільки це суперечить поняттю “кореляція”. Аналогічні обчислення для цигайських та кросбредних овець показали подібні результати.

Виходячи із виразів (1-3), нами розроблено алгоритм побудови математичних моделей для визначення генетичних кореляцій селекційних ознак між нащадками і предками через часткові кореляції, який дозволяє отримати повний набір генетичних кореляцій за всіма ознаками нащадків і предків, що розглядаються (матриця 4):

$$[r_{gi,j}] = \begin{vmatrix} r_{g\,1,1} \ldots r_{g\,1,j} \ldots r_{g\,1,m} \\ \ldots\ldots\ldots\ldots\ldots\ldots \\ r_{g\,i,1} \ldots r_{g\,i,j} \ldots r_{g\,i,m} \\ \ldots\ldots\ldots\ldots\ldots\ldots \\ r_{g\,m,1} \ldots r_{g\,m,j} \ldots r_{g\,m,m} \end{vmatrix} \quad \begin{matrix} i=1,2,3\ldots m \\ j=1,2,3\ldots m \end{matrix} \quad (4)$$

Суть методу у наступному:

1. Визначаються дві матриці парних кореляцій (однакової розмірності) за всіма ознаками:

- матриця парних кореляцій усіх ознак за даними предків $[r_{п\,i,j}]$;
- матриця кореляцій усіх ознак за даними нащадків і предків $[r_{нп\,i,j}]$;.

2. Циклічно створюється система (3), у якої квадратною матрицею слугує матриця парних кореляцій ознак предків, а матрицею-стовпцем почергово приймається стовпець матриці $[r_{нп\,i,j}]$ з номером ознаки, для якої визначається часткова кореляція.

3. Вирішується система (3) і обчислюється за формулою (2) чергове значення R_m.

4. У поточній матриці циклічно почергово викреслюється рядок і стовпець з номером чергової ознаки, а в частині, яка залишилась (матриця m-1 порядку), обчислюється за формулою (2) чергове значення R_{m-1}, яких буде m.

5. Обчислюється за формулою (1) чергове значення часткової кореляції матриці (4), індекс рядка якої визначається номером стовпця в пункті 2, а індекс стовпця – номерами рядка і стовпця, які викреслюються в пункті 4.

Процес повторюється до повного заповнення матриці (4), по закінченні якого буде отримано повний набір генетичних кореляцій.

За цим алгоритмом розроблено програми розрахунків генетичних кореляцій селекційних ознак у вівчарстві в середовищі баз даних методом часткових кореляцій і обчислені фактичні значення генетичних кореляцій селекційних ознак групи баранів тонкорунних овець (табл. 2). Для порівняння наведено парні (фенотипові) кореляції відповідних селекційних ознак нащадків-предків для тієї ж групи баранів. З таблиці видно, як значно можуть відрізнятись фенотипові кореляції від генетичних, що пояснюється неявним взаємовпливом інших селекційних ознак у фенотипових кореляціях. В

генетичних кореляціях цей вплив елімінований, залишається лише чистий взаємозв'язок двох ознак, що аналізуються.

Таблиця 2. Генетичні і фенотипові кореляції селекційних ознак тонкорунних овець

№ бар.	*Нащадок/предок*								
	ж. м./ ж. м.	ж. м./ настр	ж. м./ довж.	настр./ ж. м.	настр./ настр.	настр./ довж..	довж./ ж. м.	довж./ настр.	довж./ довж.
Генетичні кореляції селекційних ознак									
338	-0,685	-0,122	-0,516	0,685	0,182	0,527	0,685	0,290	0,527
395	0,320	0,095	0,486	0,073	0,000	0,486	-0,099	-0,021	0,486
3267	0,458	0,102	-0,795	0,000	0,000	-0,797	-0,069	0,104	0,760
3329	0,470	-0,088	-0,436	0,428	0,102	0,435	-0,428	-0,094	-0,418
3340	0,277	0,353	-0,710	0,194	-0,286	0,645	-0,229	-0,293	0,667
3341	0,601	0,442	-0,277	-0,586	-0,470	0,000	-0,570	-0,470	0,000
3343	0,472	0,357	-0,197	-0,415	-0,375	0,237	0,408	0,365	0,237
4606	-0,456	-0,181	-0,459	0,456	-0,258	-0,303	-0,456	-0,199	0,365
Усі	0,322	0,294	0,316	0,322	0,280	0,131	0,322	0,373	0,189
Фенотипові кореляції селекційних ознак									
338	-0.009	0.449	0.109	-0.019	0.367	0.012	-0.094	0.022	0.263
395	0.140	0.063	-0.055	0.062	0.174	-0.010	0.045	0.048	0.226
3267	0.355	0.159	0.009	0.218	0.334	0.235	-0.293	0.148	0.571
3329	0.058	-0.031	-0.214	0.039	0.355	0.076	-0.001	0.204	-0.109
3340	0.080	0.067	-0.120	0.065	0.025	-0.140	-0.374	-0.071	0.457
3341	-0.078	-0.042	-0.358	0.127	0.031	-0.149	-0.116	-0.112	-0.149
3343	0.082	-0.057	0.167	0.053	-0.117	0.153	-0.017	0.002	0.055
4606	0.015	-0.055	-0.292	0.123	-0.123	-0.245	-0.155	-0.089	0.059
Усі	0,048	0,043	-0,085	0,079	0,129	-0,018	-0,101	0,036	0,103

Усі генетичні кореляції наведені в таблиці 2 дійсні та не перевищують одиницю, що з логічної точки зору відповідає поняттю "кореляція". Це підтверджує справедливість попередніх оцінок та теоретичних передумов.

Висновки. Аналіз результатів розрахунків показав, що значна частина генетичних кореляцій за Хейзелем-Фолконером або перевищує одиницю, або уявна, тоді як за методом часткових кореляцій такі значення повністю виключені.

Пропонуємо використовувати часткові кореляції ознак нащадків і предків в якості генетичних. Величина часткової кореляції за модулем не перевищує одиницю.

Значення генетичних і фенотипових кореляцій можуть значно відрізнятися як за модулем, так і за знаком.

Виходячи з того, що в останній час надається особливе значення комплексній оцінці генотипу тварини з урахуванням економічної значущості, виникає необхідність в генетичних кореляціях, які є важливою складовою частиною селекційних індексів.

З нашої точки зору, при визначенні генетичних кореляцій цілком прийнятним є метод часткових кореляцій, який зрозумілий з логічної точки зору та зовсім виключає позбавлені сенсу значення (уявні та ті, що перевищують одиницю).

Список використаної літератури

1. Иогансен В.Л. Элементы точного учения об изменчивости и наследственности. / В.Л. Иогансен. - М.;Л.: Сельхозгиз, 1933. - 410 с.

2. Драгавцев В.А. Методы оценки генотипической, генетической и экологической корреляции количественных признаков в растительных популяциях /В.А. Драгавцев //Генетический анализ количественных и качественных признаков с помощью математико-статистических методов. М., 1973. - С. 45-47.

3. Скуридин Г.М. Новый подход в корреляционном анализе количественных признаков /Г.М. Скуридин, Н.В. Багинская //Сб. тр. конф., посвященной 90-летию со дня рождения А.А.Ляпунова. - Новосибирск, 2001. http://www-sbras.nsc.ru/wc/Lyap2001/.

4. Скуридин Г.М. Идентификация генотипа по фенотипу с помощью корреляций признаков /Г.М.Скуридин, С.Ф.Коваль //Информационный вестник ВОГи А – 2002. - №19.

5. Пыжов А.П. Многомерные статистические методы в племенном животноводстве и их программное обеспечение для персональных ЭВМ / А.П. Пыжов. - М., 1994.

6. Миллс Ф. Статистические методы /Ф. Миллс. - М.: Госстатиздат, 1953. - С.635-649.

7. Юл Дж. Теория статистики. / Дж. Юл, М. Кендел - М.: Госстатиздат, 1960. – С. 326-331.

8. Эзекиэл М. Методы анализа корреляций и регрессий. /М. Эзекиэл, К. Фокс. - М.: Статистика, 1966. - С.203-213.

9. Hazel L.N. The genetic basis for constructing selection indexes /L.N. Hazel //Genetics. – 1943. – 28. - P.476-490.

10. Фолконер Д.С. Введение в генетику количественных признаков / Д.С. Фолконер. - М.: Агропромиздат, 1985. - С.405-423.

11. Курган В.А. Методика определения типового овцеводческого хозяйства с помощью вычислительной машины “Наири-С” /В.А. Курган, А.И. Горлов //“МСГ Вівчарство”: збірник. - 1971. - Вип. 2. - С.111-121.