

ВИКОРИСТАННЯ ГЕНЕТИЧНИХ КОРЕЛЯЦІЙ ДЛЯ АНАЛІЗУ СЕЛЕКЦІЙНИХ ОЗНАК ОВЕЦЬ РІЗНИХ ТИПІВ ПРОДУКТИВНОСТІ

**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

Запропоновано застосування часткових кореляцій для визначення генетичних кореляцій і розроблено алгоритм їх розрахунку, реалізований у середовищі баз даних. Проведено порівняльний аналіз генетичних та фенотипових кореляцій селекційних ознак цигаїських та кросбредних порід овець

Ключові слова: генетичні, фенотипові, часткові кореляції, алгоритм

Вирішення сучасних задач селекції у вівчарстві передбачає як інтенсифікацію селекційного процесу, так і більш диференційовану селекцію за напрямками продуктивності, обумовлену коливаннями ринкового попиту на різні види продукції вівчарства. Це, в свою чергу, потребує вдосконалення методології аналізу селекційних ознак у напрямку більш тонкого і конкретного розрізнення впливу генотипових та фенотипових факторів. Виникає необхідність максимально точного кількісного визначення ступенів їх впливу в умовах багатофакторності дій на формування різних ознак продуктивності у реальному процесі селекції.

Для виявлення взаємозв'язків селекційних ознак у тваринництві широко використовуюється кореляційний аналіз. У більшості випадків інтерпретація його результатів 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.

У відповідності з основними видами біологічної мінливості ознак прийнято розрізняти наступні основні типи кореляцій: фенотипові, екологічні, генетичні. Очевидно, що кореляційний аналіз можливий лише при врахуванні ефектів окремих факторів мінливості [2, 5, 6].

Генетичні кореляції є об'єктивною мірою взаємозв'язку селекційних ознак і необхідні для вирішення окремих важливих задач селекції (оцінка за комплексом ознак методом селекційних індексів), однак в існуючих методиках їх розрахунків 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. Такі результати дає, наприклад, обрахування коефіцієнтів генетичних кореляцій за чотирма формулами Хейзеля-Фолконера [7, 10]. Цієї точки зору додержуються й інші автори [4].

Вважаємо можливим використання часткових кореляцій в якості 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.

Матеріал і методика досліджень 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) [3].

Дж. Едні Юл і Морис Дж. Кендел наводять формули визначення часткових кореляцій порядку m через коефіцієнти стандартизованих рівнянь множинної регресії попередніх порядків [9].

К. Фокс і М. Езекиєл пропонують спосіб визначення часткових кореляцій порядку m через множинні кореляції m та $m-1$ порядку лінійної моделі зв'язку [8]. З використанням цього способу нами розроблено алгоритм їх розрахунку, реалізований у середовищі баз даних, який ми застосовуємо для обчислення фактичних значень генетичних кореляцій [1].

На ретроспективних даних 2008 р. овець різних напрямів продуктивності (племзаводи: "Асканійське", "Чорноморський") визначені величини генетичних кореляцій селекційних ознак за методом часткових, а також фенотипові кореляції, і проведена їх порівняльна оцінка. Використано по 5 кращих баранів цигайської та асканійської кросбредної порід.

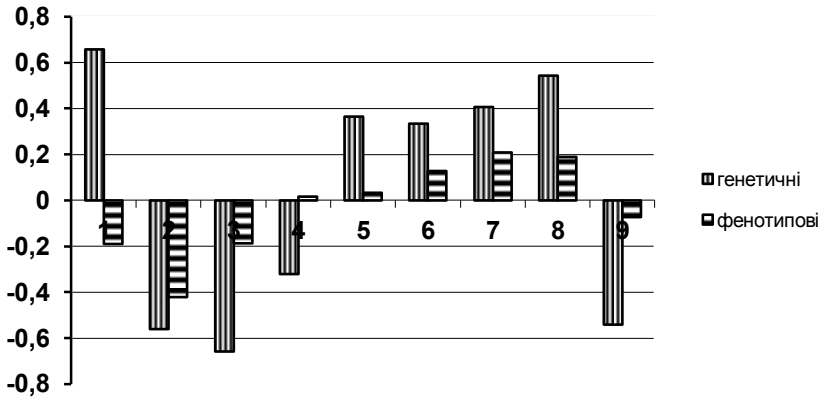
Результати досліджень Нами обрано метод К. Фокса і М. Езекиєла, який найбільш легко формалізувати та застосувати в алгоритмі при розробці програм. З використанням розробленої програми розрахунків генетичних кореляцій селекційних ознак у вівчарстві в середовищі баз даних методом часткових кореляцій обчислені фак-

тичні значення генетичних кореляцій селекційних ознак нащадок/предок (дочка/мати) у групах, де батьком є відповідний баран. Генетичні і фенотипові кореляції селекційних ознак цигайських і асканійських кросбредних овець наведені відповідно в таблицях 1 і 2. Жирним шрифтом у лівих верхніх кутах елементів таблиці розташовані значення генетичних кореляцій, а в нижньому правому куті під діагоналлю елемента – фенотипових. У стовпці “нащадок-предок” – назви показників, що додатково пронумеровані (в прийнятних скороченнях), між якими обчислені генетичні та фенотипові кореляції відповідних плідників.

Таблиця 1. Генетичні і фенотипові кореляції селекційних ознак цигайських овець

Показники нащад.- предок	Номери баранів				
	410	4019	4258	51009	72832
	генет. фенот.	генет. фенот.	генет. фенот.	генет. фенот.	генет. фенот.
ж. м. - ж. м.(1)	0.532 0,153	0.657 -0,189	0.709 0,139	0.320 0,226	-0.682 -0,126
ж. м. - довж.(2)	0.465 0,098	-0.562 -0,422	-0.709 -0,312	0.000 0,088	0.665 0,135
ж. м. - настр.(3)	-0.459 -0,326	-0.657 -0,186	-0.709 -0,299	0.415 0,199	0.671 -0,364
довж. - ж. м.(4)	0.359 0,142	-0.322 0,017	0.367 0,182	0.705 0,600	0.502 0,407
довж. - довж.(5)	0.314 0,278	0.365 0,033	0.553 0,246	-0.662 0,366	-0.336 -0,134
довж. - настр.(6)	0.299 0,157	0.335 0,127	0.500 0,250	0.752 0,439	-0.357 0,294
настр. - ж. м.(7)	-0.537 -0,105	0.406 0,208	-0.682 -0,441	-0.548 0,207	-0.814 -0,006
настр. - довж.(8)	0.461 0,195	0.542 0,188	0.418 -0,032	0.489 0,443	0.814 -0,126
настр. - настр.(9)	0.471 0,331	-0.542 -0,074	0.262 0,033	0.545 0,602	-0.814 -0,238

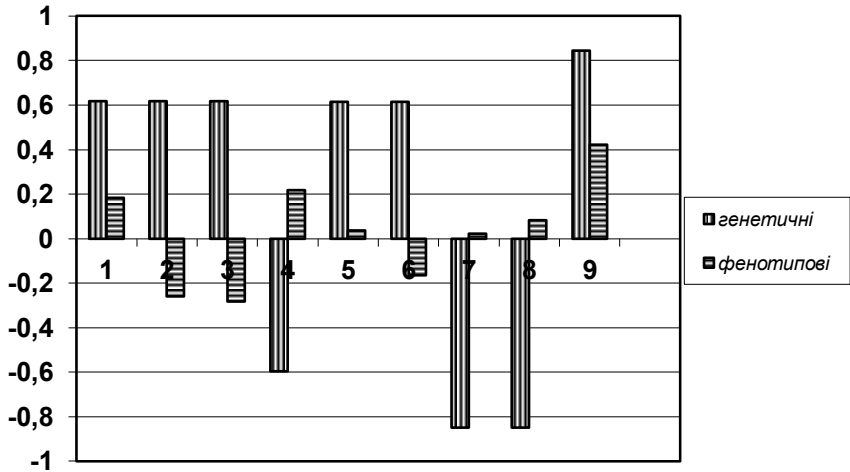
Діаграма 1. Генетичні і фенотипові кореляції селекційних ознак нащадок-мати барана 4019



Таблиця 2. Генетичні і фенотипові кореляції селекційних ознак асканійських кросбредних овець

Показники нащад.-предок	Номери баранів									
	50		313		664		812		1033	
	генет.	фенот.	генет.	фенот.	генет.	фенот.	генет.	фенот.	генет.	фенот.
ж. м. - ж. м.(1)	0,510	-0,040	0,544	0,523	-0,462	-0,224	0,408	0,149	0,618	0,184
ж. м. - довж.(2)	-0,510	-0,246	0,009	0,557	0,141	-0,006	0,198	-0,012	0,618	-0,258
ж. м. - настр.(3)	-0,510	-0,121	-0,459	0,211	0,253	0,098	-0,232	-0,083	0,618	-0,281
довж. - ж. м.(4)	0,433	0,026	-0,371	0,436	-0,714	-0,241	0,655	0,413	-0,596	0,219
довж. - довж.(5)	0,486	0,061	0,007	0,585	0,713	0,284	-0,668	-0,031	0,617	0,039
довж. - настр.(6)	-0,453	-0,207	-0,350	0,288	0,678	0,610	0,668	0,105	0,617	-0,163
настр. - ж. м.(7)	0,610	0,257	0,555	0,339	-0,705	-0,270	-0,759	-0,225	-0,847	0,024
настр. - довж.(8)	0,610	0,132	-0,443	0,421	-0,705	-0,073	-0,731	0,045	-0,847	0,084
настр. - настр.(9)	0,610	0,312	0,554	0,479	0,705	0,382	0,729	0,566	0,847	0,424

Діаграма 2. Генетичні і фенотипові кореляції селекційних ознак нащадок-мати барана 1033



З наведених даних таблиць видно, наскільки можуть відрізнятися фенотипові кореляції від генетичних. Відмінності настільки значні, що знаки кореляцій можуть бути протилежними. Цей факт проілюстровано у діаграмах 1 та 2. Так, у барана 4019 (діаграма 1) стовпці 1 та 4 показників генетичних і фенотипових кореляцій мають протилежний напрямок. Таке ж співвідношення в показниках кореляцій 2, 3, 4, 6, 7, 8 у плідника 1033 (діаграма 2). Таблиці 1 та 2 показують, що це неодинакові факти. Значна різниця кореляцій пояснюється тим, що існує невідомий вплив інших селекційних ознак, який не враховується при визначенні фенотипових кореляцій. Інакше кажучи, взаємозв'язок інших селекційних ознак на досліджувану пару є невідомим і в алгоритмі обчислення фенотипових кореляцій не враховується. У генетичних кореляціях цей вплив елімінований, залишається лише чистий взаємозв'язок двох ознак, що аналізуються. Тобто генетичні кореляції значно чіткіше показують істинну міру впливу генотипу батьків на кожну з проаналізованих селекційних ознак при фіксованому впливі інших.

Висновки Аналіз результатів розрахунків показав, що генетичні кореляції суттєво відрізняються від фенотипових кореляцій не тільки за абсолютною величиною, але й за знаком.

Пропонуємо використовувати часткові кореляції ознак нащадків і предків в якості генетичних. Величина таких генетичних кореляцій за модулем не перевищує одиницю, не є уявною, що відповідає поняттю "кореляція".

В останній час надається особливе значення комплексній оцінці генотипу тварини з урахуванням економічної значущості ознак, тому виникає необхідність використання генетичних кореляцій, які є важливою складовою частиною селекційних індексів.

У подальшому генетичні кореляції можуть використовуватися самостійно для більш детального аналізу взаємозв'язку селекційно-генетичних ознак.

Список використаної літератури

1. Горлов О. І. Метод визначення генетичних кореляцій селекційних ознак / О. І. Горлов, К. А. Івіна, І. О. Мокєєв, Т. Г. Герасименко та ін. // Науковий вісник «Асканія-Нова». – 2009. – вип. 2. – С. 166-172.

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

4. Пыжов А. П. Многомерные статистические методы в племенном животноводстве и их программное обеспечение для персональных ЭВМ / А. П. Пыжов. – М., 1994. http://users.podolsk.ru/rasm/kom_kor.htm

5. Скуридин Г. М. Идентификация генотипа по фенотипу с помощью корреляций признаков / Г. М. Скуридин, С. Ф. Коваль // Информационный вестник ВОГиС – 2002. – №19. – С. 12-18.

6. 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/>.

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

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

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

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