

МЕТОДИКА ОЦІНКИ ГЕНЕТИЧНИХ ЗМІН В ПОПУЛЯЦІЯХ ОВЕЦЬ РІЗНИХ НАПРЯМІВ ПРОДУКТИВНОСТІ

П. Г. Жарук, Н. А. Кудрик, К. В. Заруба
ascitsr_priemnaya@ukr.net

Інститут тваринництва степових районів імені М. Ф. Іванова
«Асканія-Нова» - Національний науковий селекційно-генетичний
центр з вівчарства
вул. Соборна, 1, смт Асканія-Нова, Чаплинський р-н,
Херсонська обл., 75230, Україна

Методика визначає порядок проведення оцінки динаміки генетичних змін популяції овець тонкорунних, напівтонкорунних, смушкових та української гірськокарпатської порід. Її метою є визначення ефективності племінної роботи в різних стадах, районах і зонах розведення порід, підтвердження ефективності практичної селекції, порівняння різних методів добору і підбору племінних тварин та порівняльної оцінки плідників. Оцінку генетичних змін здійснюють за ознаками, мінливість яких не залежить, або мало залежить від дії факторів навколишнього середовища.

Для оцінки суттєвості відмінностей між реальними даними і «сконструйованими» відповідно до гіпотези про незалежність ознак застосовується коефіцієнт квадратичного поєднання χ^2 , заснований на так званому критерії згоди χ^2 (хі-квадрат). Обчислення цього коефіцієнта здійснюється шляхом підсумовування відносних відмінностей між числами по всіх клітках таблиці поєднання.

Роботу критерію χ^2 детально розглянуто на прикладі розподілу популяції овець асканійської каракульської породи за смушковими типами в різні роки. Зазначено порядок застосування критерію згоди. Також представлено розрахунок критерію χ^2 з використанням персонального комп'ютера і відповідними рисунками.

В якості ще одного прикладу наведено розподіл популяції овець асканійської тонкорунної породи за оброслістю голови.

Розглянуто загальні підходи до визначення достовірності збігів і відмінностей характеристик досліджуваних об'єктів.

Застосування даної методики дозволить оцінити рівень та напрям генетичного тренду в популяції овець і визначити подальший напрям їх селекції.

Ключові слова: методика, генетичні зміни, популяція, вівці, критерії.

METHODOLOGY of ESTIMATION of the GENETIC CHANGES in the POPULATIONS of SHEEP of DIFFERENT DIRECTIONS of PRODUCTIVITY

P. G. Zharuk, N. A. Kudryk, K. V. Zaruba
ascitsr_priemnaya@ukr.net

Ascania Nova Institute of Animal Breeding in the Steppe Regions
named after M. F. Ivanov - National Scientific Selection-Genetics
Center for Sheep Breeding
1, Soborna Street, Askania Nova, Chaplynka district,
Kherson region, 75230, Ukraine

The methodology determines the order of the assessment of the dynamics of genetic changes in the populations of sheep of the following breeds: fine-fleeced, semi fine, lambskin and Ukrainian Mountain-Carpathian sheep. The purpose of this methodology is: the determination of the effectiveness of breeding work in various herds, areas and breeding zones; confirmation of the effectiveness of practical breeding; comparison of different methods of selection and breeding of pedigree animals and comparative evaluation of sires. The evaluation of genetic changes is carried out on the basis of characteristics, the variability of which does not depend or depends a little on the impact of environmental factors.

To assess the significance of the differences between the data, real and "constructed" according to the hypothesis of the independence of the features, the conjugacy coefficient X^2 , based on the so-called consent criterion χ^2 (chi-square), is applied. The calculations of this coefficient are carried out by summing the relative differences between the numbers for all cells of the conjugacy table.

The work of the criterion X^2 is examined in detail in the example of the distribution of the sheep population Askanian Karakul breed according to the sheepskin type in different years. The order of application of the consent criterion has been indicated. Also presented are: the calculation of the criterion χ^2 using a personal computer and the corresponding pictures.

As one more example, the distribution of the sheep population of the Askanian fine-fleeced breed according to the quantity of covering their heads with wool is given.

The general approaches to determining the reliability of coincidences and differences in the characteristics of the investigated objects are considered.

The application of this technique will allow to assess the level and direction of genetic changes in the sheep population and to determine the

further direction of their selection.

Keywords: methodology, genetic changes, population, sheep, criteria.

МЕТОДИКА ОЦЕНКИ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИЗМЕНЕНИЙ В ПОПУЛЯЦИЯХ ОВЕЦ РАЗНЫХ НАПРАВЛЕНИЙ ПРОДУКТИВНОСТИ

П. Г. Жарук, Н. А. Кудрик, К. В. Заруба
ascitsr_priemnaya@ukr.net

Институт животноводства степных районов имени М. Ф. Иванова
«Аскания-Нова» - Национальный научный селекционно-генетиче-
ский центр по овцеводству
ул. Соборная, 1, пгт. Аскания-Нова, Чаплинский р-н,
Херсонская обл., 75230, Украина

Методика определяет порядок проведения оценки динамики генетических изменений в популяциях овец следующих пород: тонкорунные, полутонкорунные, смушковые и украинская горно-карпатская. Целью данной методики является: определение эффективности племенной работы в различных стадах, районах и зонах разведения пород; подтверждение эффективности практической селекции; сравнение разных методов отбора и подбора племенных животных и сравнительной оценки производителей. Оценку генетических изменений осуществляют по признакам, изменчивость которых не зависит или мало зависит от воздействия факторов окружающей среды.

Для оценки существенности различий между реальными данными, и «сконструированными» согласно гипотезе о независимости признаков, применяется коэффициент сопряженности χ^2 , основанный на так называемом критерии согласия χ^2 (хи-квадрат). Вычисления этого коэффициента осуществляется путем суммирования относительных различий между числами по всем клеткам таблицы сопряженности.

Работа критерия χ^2 подробно рассмотрена на примере распределения по смушковым типам популяции овец асканийской каракульской породы в разные годы. Указан порядок применения критерия согласия. Также представлены: расчет критерия χ^2 с использованием персонального компьютера и соответствующие

ему рисунки.

В качестве еще одного примера приведено распределение популяции овец асканийской тонкорунной породы по обростлости головы.

Рассмотрены общие подходы к определению достоверности совпадений и различий в характеристиках исследуемых объектов.

Применение данной методики позволит оценить уровень и направление генетических изменений в популяции овец и определить дальнейшее направление их селекции.

Ключевые слова: методика, генетические изменения, популяция, овцы, критерии.

Властивості генетичної популяції формуються під впливом факторів середовища, а також спадковості, мінливості і відбору. У результаті взаємодії перерахованих факторів в популяції відбуваються зміни, які характеризують процес її розвитку. У практиці розведення сільськогосподарських тварин зміна популяції характеризується процесом мікроеволюції. При цьому популяцією можна вважати масив тварин конкретної породи, яку розводять в певній географічній або екологічній зоні, або масив стада, яке в сучасних умовах виробництва може включати декілька тисяч тварин. Часто породи розподіляються на кілька популяцій, поширених в різних зонах. Маючи ряд загальних породних особливостей, кожна з цих популяцій відрізняється не тільки зовнішніми ознаками і специфікою пристосування до умов своєї зони, але й генетичними параметрами (склад і частоту алелів і генотипів). У кожній з популяцій йде процес мікроеволюції, зумовленої годівлею, утриманням, відбором і кліматичними відмінностями. Необхідність підтримки в популяціях тварин оптимального рівня генетичної мінливості і гетерозиготності пов'язана з тим, що з цими показниками безпосередньо пов'язані пристосувальні здатності тварин до умов навколишнього середовища. Без необхідного генетичного різноманіття популяції тварин втрачають свою еволюційну пристосованість і стають нестійкими до впливу патогенної мікрофлори і негативним впливам навколишнього середовища. Втрата генетичної різноманітності тварин призводить до значного економічного збитку [1, 2, 3].

У зоотехнічній практиці генетичну різноманітність в популяціях тварин прийнято визначати по генеалогічній структурі породи або її структурних одиниць (зональних типів). Цей метод простий, але має значний недолік – багато тварин в лініях зазвичай бувають отримані від батьків, які представляють різні лінії. В останні десятиліття метод оцінки генетичної структури популяцій тварин нерідко доповнюється

аналізом особливостей досліджуваних популяцій за поліморфними білками і групам крові тварин, який є дуже витратним.

Процес еволюції ґрунтується на двох головних явищах: мінливості і зміні частот генів і генотипів, що становить сутність еволюційного процесу. До зміни частот алелів і генотипів в популяції призводить відбір, проте воно можливе і в результаті мутацій, міграції особин, випадкового дрейфу генів, ізоляції, а також вибіркового, або асортативного схрещування. Всі ці чинники, що діють у популяціях, називають факторами динаміки популяцій.

Якісні (категоризовані) дані – це вимірювання, для яких кількісних значень немає, або вони приховані. Такі змінні вимірюються в номінальній шкалі або в шкалі рангів. Ці дані називаються ще атрибутивними або якісними. Кількісні дані мають чисельні значення. Вони вимірюються в шкалі інтервалів або в шкалі відносин.

Статистичні процедури в основному призначені для аналізу кількісних ознак, але багато ознак не можливо виміряти числом. Тут ми маємо справу з якісними ознаками. Ці ознаки не пов'язані між собою ніякими арифметичними співвідношеннями, впорядкувати їх не можна. Єдиний спосіб опису якісних ознак полягає в тому, щоб підрахувати число об'єктів, що мають одне і те ж значення. Крім того, можна підрахувати, яка частка від загального числа об'єктів припадає на те чи інше значення.

Одним з основних питань при роботі з якісними ознаками є питання підрахунку часток, знаходження способу оцінити точність, з якою частки, обчислені за вибірками, відповідають часткам у всій сукупності.

Найбільш важливими селекційними ознаками овець вовнового напрямку продуктивності є: настриг вовни, вихід чистої вовни, довжина й товщина її волокон, густина вовни, плодючість, жива маса та інші. Успадковуються ці ознаки за типом полімерії, тобто кожен з них визначається великим числом генів. Судять про ступінь успадкування кількісних ознак за величиною коефіцієнту успадкованості (h^2). Чим більша ця величина, тим успішніше селекція. На величину коефіцієнту у успадкованості впливають мінливість ознаки, породні та індивідуальні особливості тварин. Коефіцієнт успадкованого виходу митої вовни у овець тонкорунних порід становить 0,3-0,6; густоти вовни – 0,4-0,6; довжини вовни – 0,25-0,8; настригу вовни – 0,20-0,60; живої маси – 0,3-0,5 і багатопліддя – 0,10-0,15 [4].

Великий розмах мінливості показників успадкованості перелічених ознак свідчить про вагомий вплив на їх величину негенетичних факторів. Тому для оцінки генетичних змін необхідно використовувати ознаки, які не залежать від паратипових факторів.

1. Загальні положення

1.1. Ця методика визначає порядок проведення оцінки динаміки генетичних змін популяцій овець тонкорунних, напівтонкорунних, смушкових та української гірськокарпатської порід

1.2. Мета – визначення ефективності племінної роботи в різних стадах, районах і зонах розведення порід, підтвердження ефективності практичної селекції, порівняння різних методів добору і підбору племінних тварин та порівняльної оцінки плідників.

1.3. Оцінку генетичних змін проводять у суб'єктах племінної справи – племзаводах, племрепродукторах і племпідприємствах. Оцінюють тварин усіх статеві-вікових груп (баранів-плідників, вівцематок та молодняк).

1.4. Оцінку генетичних змін здійснюють за ознаками, мінливість яких не залежить, або мало залежить від дії факторів навколишнього середовища.

Для тонкорунних та напівтонкорунних овець це:

- тонина вовни;
- густина вовнових волокон;
- вирівняність та пружності вовни;
- ступінь оброслості голови;
- наявність бурди та складок на шиї;
- наявність та ступінь прояву рогатості вівцематок;

Для смушкових овець:

- смушковий тип;
- клас смушка в межах типу;
- ширина, щільність завитка та інші ознаки, передбачені інструкцією з бонітування смушкових овець.

Для гірськокарпатських овець – крім ознак, зазначених для тонкорунних та напівтонкорунних овець:

- співвідношення ості та пухових волокон.

2. Критерій оцінки відмінності між популяціями

Для оцінки суттєвості відмінностей між реальними даними і «сконструйованими» відповідно до гіпотези про незалежність ознак застосовується коефіцієнт квадратичного поєднання χ^2 , заснований на так званому критерії згоди χ^2 (хі-квадрат). Обчислення цього коефіцієнту здійснюється шляхом підсумовування відносних відмінностей між числами по всіх клітках таблиці поєднання [5, 6].

2.1. Побудова таблиці поєднання. Критерій χ^2

Розглянемо роботу критерію на прикладі розподілу популяції овець асканійської каракульської породи за смушковими типами в різні роки. Результати оцінки внесено у таблицю 1.

Таблиця 1. Розподіл популяції каракульських овець за смушковим типом (фактичні числа), голів

Рік оцінки	Тип смушка				Всього
	жакетний	ребристий	плоский	кавказький	
2010	286	164	5	11	466
2014	249	179	28	13	469
Всього	535	343	33	24	935

Розраховуємо очікувані числа. Із 935 оцінених тварин 535, або 57,22% віднесено до жакетного типу, 343, або 36,68% – до ребристого, 33 тварини, або 3,53% – до плоского і 24, або 2,57% – до кавказького.

Приймемо нульову гіпотезу про те, що селекція за вказаний період, тобто з 2010 по 2014 не вплинула на тип смушків, тоді тварини жакетного типу повинні з рівною часткою 57,22% спостерігатися в обох групах, як 2010 так і 2014 років оцінки (табл. 2). Розрахувавши скільки становить 57,22% від 466 і 469 одержимо відповідно 266,64 і 268,36. Це і є очікувані числа тварин жакетного типу за роками оцінки. Таким же чином отримуємо очікувані значення кількості тварин у групі ребристого типу: у 2010 році – 36,68% від 466, тобто 170,95, у 2014 році 36,68 від 469, тобто 172,05. Аналогічними розрахунками отримуємо очікувані числа плоского (16,45 і 16,55) та кавказького типів (11,96 і 12,04). Слід зазначити, що очікувані числа розраховуються до другого знаку після коми – така точність знадобиться при подальших обчисленнях.

У таблиці 2 представлено очікувані числа, які ми отримали б, якби селекційний процес не впливав на структуру популяції за смушковими типами. Крім дробових чисел в клітинах можна помітити ще одну відмінність від таблиці 1.1 – це сумарні дані по

Таблиця 2. Розподіл популяції каракульських овець за смушковим типом (очікувані числа), голів

Рік оцінки	Тип смушка				Всього
	жакетний	ребристий	плоский	кавказький	
2010	266,64	170,95	16,45	11,96	466
2014	268,36	172,05	16,55	12,04	469
Всього	535,00	343,00	33,00	24,00	935

групах в правому стовпці за роками і за смушковими типами – в нижньому рядку. У правому нижньому кутку – загальне число тварин у

дослідженні. Зверніть увагу, що, хоча числа в клітинах представлених таблиць різні, суми по рядках і по стовпцях однакові.

Числа в клітинах таблиць дещо розрізняються, що свідчить про відмінність реальної картини від тієї, яка спостерігалася б, якби селекція не впливала на структуру стада за смушковими типами.

Тепер залишилося побудувати критерій, який би характеризував ці відмінності одним числом, і потім знайти його критичне значення.

2.2. Критерій χ^2

Критерій χ^2 не вимагає ніяких припущень щодо параметрів сукупності, з якої взяті вибірки – це один з непараметричних критеріїв. По-перше, як і завжди, критерій повинен давати одне число, яке слугувало б мірою відмінності одержаних даних від очікуваних, тобто в даному випадку відмінності між таблицею реальних і очікуваних чисел. По-друге, критерій повинен враховувати, що відмінність, скажімо, в одній групі має більше значення при малому очікуваному числі, ніж при великому. Визначимо критерій χ^2 наступним чином:

$$\chi^2 = \sum \frac{(O - N)^2}{N}, \quad (1)$$

де O – фактично встановлене число в клітці таблиці спряженості, N – очікуване число в тій же клітині.

Розрахунок за формулою проводиться по всіх клітинах таблиці. Як видно з формули, чим більша різниця між фактичним і очікуваним числами, тим більший внесок клітини у величину критерію. При цьому клітини з малим очікуваним числом роблять більший внесок. Таким чином, критерій задовольняє обом вимогам, по-перше, вимірює відмінності і, по-друге, враховує їх величину щодо очікуваних чисел.

$$\chi^2 = \frac{(286 - 266,64)^2}{266,64} + \frac{(164 - 179,95)^2}{179,95} + \frac{(5 - 16,45)^2}{16,45} + \frac{(11 - 11,96)^2}{11,96} + \frac{(249 - 268,36)^2}{268,36} + \frac{(179 - 172,95)^2}{172,95} + \frac{(28 - 16,55)^2}{16,55} + \frac{(13 - 12,04)^2}{12,04} = 19,402$$

У нашому прикладі значення критерію χ^2 дорівнює 19,4.

Критичне значення залежить від розмірів таблиці поєднання, тобто від числа порівнюваних ознак, в нашому випадку типів смушків (рядків таблиці) і числа можливих результатів (стовпців таблиці). Розмір таблиці висловлюється числом ступенів свободи r .

$$r = (c - 1)(k - 1),$$

де c – число рядків, а k – число стовпців.

Критичні значення для різних r наведено у таблиці 3.

Таблиця 3. Значення χ^2 в залежності від r і p

$r \backslash p$	0,05	0,01	0,005	0,001
1	3,84	6,64	7,88	10,83
2	5,99	9,21	10,60	13,82
3	7,82	11,34	12,84	16,27
4	9,49	13,28	14,86	18,46
5	11,07	15,09	16,75	20,5
6	12,59	16,81	18,55	22,5
7	14,07	18,48	20,28	24,3
8	15,51	20,1	21,96	26,1
9	16,92	21,7	23,59	27,9
10	18,31	23,2	25,2	29,6
11	19,68	24,7	26,8	31,3
12	21,0	26,2	28,3	32,9
13	22,4	27,7	29,8	34,6
14	23,7	29,1	31,3	36,1
15	25,0	30,6	32,8	37,7
16	26,3	32,0	34,3	39,3
17	27,6	33,4	35,7	40,8
18	28,9	34,8	37,2	42,3
19	30,1	36,2	38,6	43,8
20	31,4	37,6	40,0	45,3

Число рядків таблиці поєднання дорівнює двом, стовпців – п'яти, тому число ступенів свободи $r = (4-1) (2-1) = 3$. Якщо гіпотеза про відсутність міжгрупових відмінностей вірна, то, як видно з таблиці 3, значення перевершить 16,27 не більше ніж в 0,1% випадків. Таким чином, при рівні значущості 0,001 можна відхилити гіпотезу про відсутність впливу селекційного процесу на генетично обумовлену феноструктуру популяції. Однак, з'ясувавши, що зв'язок існує, проте не можна вказати, які (яка) саме групи відрізняються від інших.

Таким чином, порядок застосування χ^2 наступний:

- будуюмо за наявними даними таблицю поєднання;
- підраховуємо число об'єктів в кожному рядку і стовпці та знаходимо, яку частку від загального числа об'єктів складають ці величини;

- знаючи ці частки, підраховуємо з точністю до двох знаків після коми очікувані числа – кількість об'єктів, які потрапили б в кожну клітину таблиці, яки зв'язок між рядками і стовпцями був відсутнім;
- знаходимо величину, що характеризує відмінності фактичних і очікуваних значень. Якщо таблиця поєднання має розмір 2x2, застосовуємо поправку Йейтса;
- обчислюємо число ступенів свободи, вибираємо рівень значимості і по таблиці З визначаємо критичне значення;
- порівнюємо його з отриманим значенням для вашої таблиці.

Критерій застосовується, якщо всі очікувані цифри не менше 1 і частка клітин з очікуваними числами менше 5 не перевищує 20%. При не виконанні цих умов критерій може дати помилкові результати. У такому випадку можна зібрати додаткові дані, проте це не завжди можна здійснити. Є й більш простий шлях – об'єднати декілька рядків або стовпців.

Зрозуміло, як і всі критерії значимості, χ^2 дає вірогідну оцінку істинності (правильності) тієї чи іншої гіпотези. Застосування критерію правомірне, якщо очікуване число в будь-якій з клітин більше або дорівнює 5 (в іншому випадку можливе використання точного критерію Фішера).

3. Розрахунок χ^2 - критерію з використанням персонального комп'ютера

3.1. Запуск програми MS EXCEL

3.2. Введення даних з таблиць 1.1 і 1.2 (див. рис. 1).

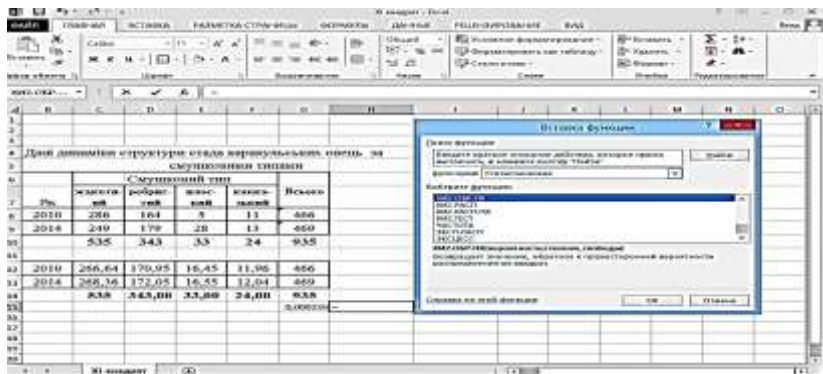


Рис. 1

3.3. Натискання на кнопку «вставка функцій» на стандартній панелі інструментів. Відкривається діалогове вікно (рис. 2). Вибираємо в меню функцій в категорії «Статистичні», з функцій – « χ^2 ТЕСТ».

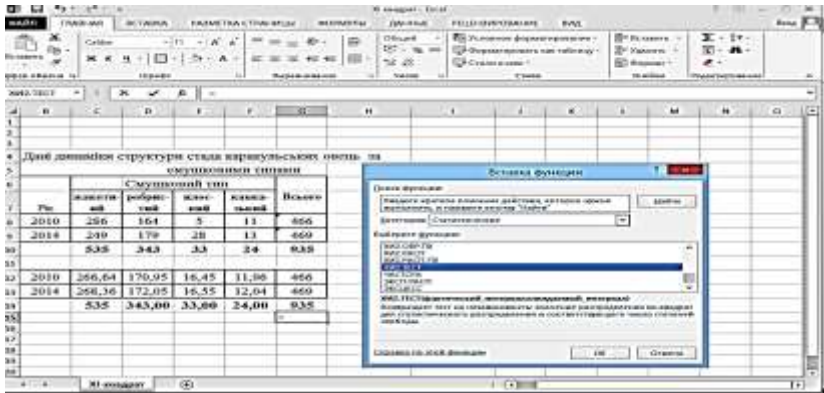


Рис. 2

3.4. У діалогове вікно « χ^2 ТЕСТ» вносимо дані фактичних і очікуваних чисел (очікувані числа повинні бути попередньо розраховані). Отримуємо значення ймовірності рівне 0.000225712 (рис. 3).

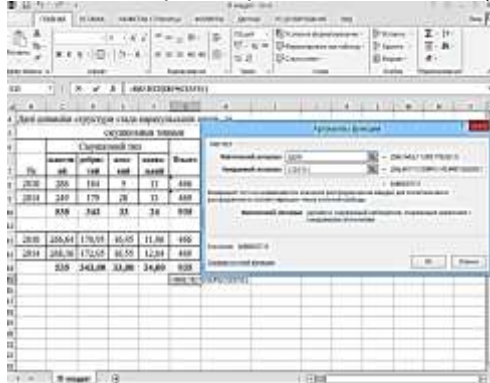


Рис. 3

3.5. Вибираємо в категорії «Статистичні» функцію « χ^2 ОБР» (рис. 4).

3.6. У діалогове вікно « χ^2 ОБР» вводимо дані про розраховану ймовірність (у прикладі – клітина G15) і ступінь свободи (у прикладі ступінь свободи дорівнює 3).

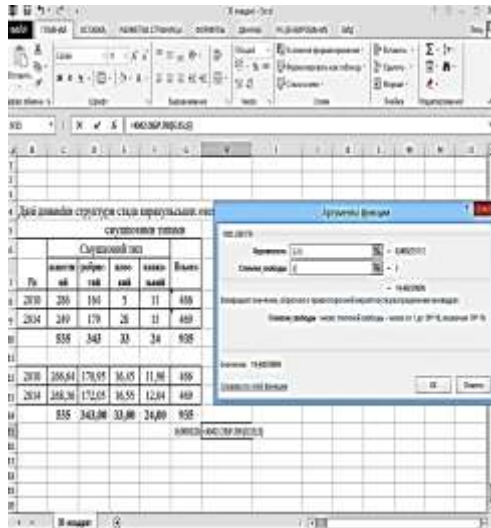


Рис. 4

3.7. Отримуємо значення – критерію (у прикладі результат у клітинці H15 = 19.402 (рис. 5).

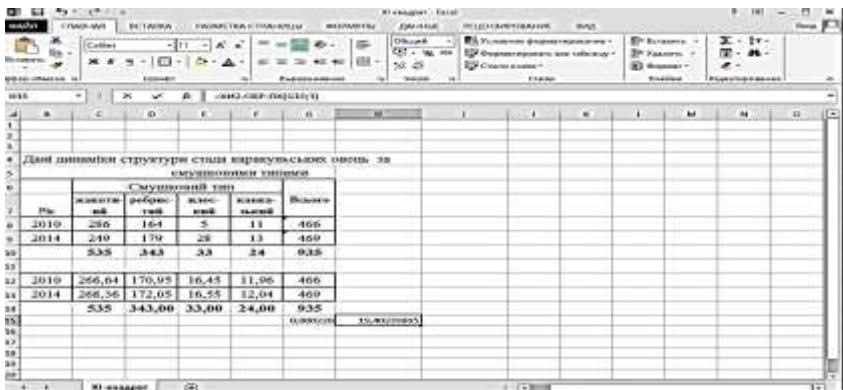


Рис. 5

У таблицях 4, 5 і рисунку 6 наведено ще один приклад – розподіл популяції овець асканійської тонкорунної породи за оброслістю голови.

Таблиця 4. Розподіл популяції овець асканійської тонкорунної породи за обростістю голови (фактичні числа), голів

Рік оцінки	Бал					Всього
	0,4	0,5	0,6	0,7	0,8	
2010	23	777	115	62	35	1012
2014	15	204	43	5	1	268
Всього	38	981	158	67	36	1280

Таблиця 5. Розподіл популяції овець асканійської тонкорунної породи за обростістю голови (очікувані числа), голів

Рік оцінки	Бал					Всього
	0,4	0,5	0,6	0,7	0,8	
2010	30,04	775,60	124,92	52,97	28,46	1012
2014	7,96	205,40	33,08	14,03	7,54	268
Всього	38,00	981,00	158,00	67,00	36,00	1280

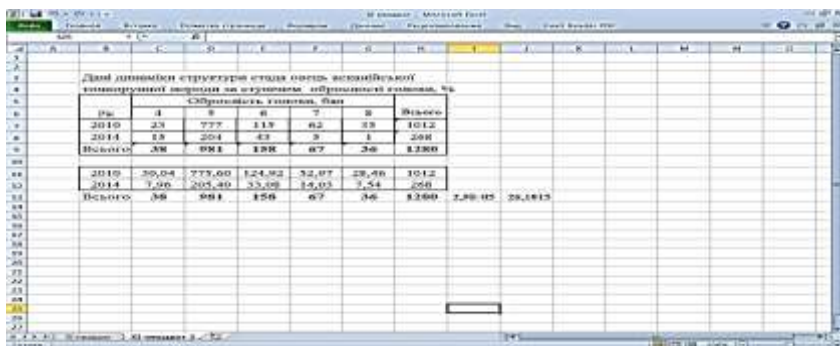


Рис. 6

4. Порівняння двох вибірок

Розглянемо загальні підходи до визначення достовірності збігів і відмінностей характеристик досліджуваних об'єктів. Як зазначалося вище, типовим завданням аналізу даних селекційних дослідженнях є встановлення збігів або відмінностей характеристик експериментальної і контрольної групи. Для цього формують статистичні гіпотези:

- гіпотеза про відсутність відмінностей (так звана нульова гіпотеза);

- гіпотеза про значимість відмінностей (так звана альтернативна гіпотеза).

Для прийняття рішень про те, яку з гіпотез (нульову або альтернативну) слід прийняти, використовують вирішальні правила – статистичні критерії, тобто, на підставі інформації про результати спостережень (характеристик тварин експериментальної і контрольної групи) обчислюється число, яке називають емпіричним значенням критерію. Це число порівнюється з відомим (наприклад, заданим таблично) еталонним числом (критичним значенням критерію).

Критичні значення наводяться, як правило, для декількох рівнів значущості. Рівнем значущості називається ймовірність помилки, що полягає у відхиленні (не прийнято) нульової гіпотези, коли вона вірна, то є ймовірність того, що відмінності вважаються суттєвими, а вони насправді випадкові. Зазвичай використовують рівні значущості (позначаються p), які дорівнюють 0,05, 0,01 і 0,001. У селекційних дослідженнях обмежуються значенням 0,05, тобто, допускається не більше ніж 5%-а можливість помилки.

Якщо отримане емпіричне значення критерію виявляється менше або дорівнює критичному, то приймається нульова гіпотеза – вважається, що на заданому рівні значимості (тобто при тому значенні p , для якого розраховано критичне значення критерію) характеристики експериментальної та контрольної груп збігаються. У іншому випадку, якщо емпіричне значення критерію виявляється більше критичного, то нульова гіпотеза відкидається і приймається альтернативна гіпотеза – характеристики експериментальної і контрольної групи вважаються різними з достовірністю відмінностей $1 - p$. Наприклад, якщо $p = 0,05$ і прийнята альтернативна гіпотеза, то достовірність відмінностей дорівнює 0,95 або 95%. Тобто, достовірність відмінностей характеристик – це доповнення до одиниці рівня значущості при перевірці гіпотези про збіг характеристик двох незалежних вибірок.

Іншими словами, чим менше емпіричне значення критерію (чим лівіше воно знаходиться від критичного значення), тим більше ступінь збігу характеристик порівнюваних об'єктів. І навпаки, чим більше емпіричне значення критерію (чим правіше воно знаходиться від критичного значення), тим сильніше розрізняються характеристики порівнюваних об'єктів.

Висновки. Розроблена методика оцінки генетичних змін дозволяє оцінити рівень та напрям генетичного тренду в популяціях овець і визначити подальший напрям їх селекції.

Список використаної літератури

1. Дубинин Н. П. Аллельные маркеры при наследовании отдельных участков и целых хромосом у сельскохозяйственных животных / Н. П. Дубинин, А. М. Машуров // Сельскохозяйственная биология – № 2. – 1986. – С. 76-79.
2. Алтухов Ю. П. Генетические процессы в популяциях / Ю. П. Алтухов // М.: Наука, 1989. – 328 с.
3. Алтухов Ю.П. Генетические процессы в популяциях: Учеб. пособие. 3-е изд., перераб. и доп. / Ю.П. Алтухов // М.: ИКЦ «Академкнига», 2003. – 431 с.
4. Стакан Г. А. Наследуемость хозяйственно-полезных признаков у тонкорунных овец / Г. А. Стакан, А. А. Соскин // Новосибирск: «Наука», 1965. – 160 с.
5. Плохинский Н. А. Руководство по биометрии для зоотехников / Н. А. Плохинский. – М.: Колос, 1969. – 247 с.
6. Михалевич И. М. Основы прикладной статистики / И. М. Михалевич, М. А. Алферова, Н. Ю. Рожкова // Часть I: Учебное пособие. Иркутск: НЦРВХ СО РАМН, 2010. – 92 с.