

роди залежно від методів підбору / Л. М. Хмельничий, А. М. Салогуб, В. М. Бондарчук, В. П. Лобода // Таврійський науковий вісник : науковий журнал. – Херсон : Гринь Д.С., 2015. – Вип. 93. – С. 191-196.

6. Ефименко, М. Я. Формирование внутрипородной структуры создаваемых пород молочного скота / М. Я. Ефименко // Технология виробництва і переробки продукції тваринництва. – Біла Церква, 2010. – Вип. 3(72). – С. 119-122.

7. Хмельничий, Л. М. Ефективність поєднання генеалогічних формувань в селекції молочної худоби / Л. М. Хмельничий, А. М. Салогуб // Збірник наукових праць Подільського ДАТУ. Серія «Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва». – Кам'янець-Подільський, 2012. – Вип. 20. – С. 285-287.

8. Штеркель, С. Г. Связь линейной оценки типа с молочной продуктивностью коров / С. Г. Штеркель, И. А. Чистякова // Зоотехния. – 2002. – № 8. – С. 6-8.

9. Петренко, І. П. Продуктивність корів від різних варіантів підбору в стадах новостворених молочних порід / І. П. Петренко, А. П. Кругляк, В. А. Цапко // Розведення і генетика тварин : міжвідомчий тематичний науковий збірник. – Київ : Аграрна наука, 2010. – Вип. 44. – С. 143-145.

10. Усова, Т. П. Корреляция признаков молочной продуктивности коров в зависимости от подбора пар с учётом места расположения повторяющихся линий в родословной / Т. П. Усова // Вестник Российского государственного аграрного заочного университета. – Москва, 2006. - № 1(6). – С. 155-156.

11. Полупан, Ю. П. Екстер'єрні особливості первісток різних порід і поєднань / Ю. П. Полупан // Розведення і генетика тварин : міжвідомчий тематичний науковий збірник. – Київ : Аграрна наука, 1999. – Вип. 30. – С. 10-16.

12. Димчук, А. В. Молочна продуктивність корів подільського заводського типу української чорно-рябої молочної породи за різних варіантів підбору / А. В. Димчук // Розведення і генетика тварин : міжвідомчий тематичний науковий збірник. – Київ : Аграрна наука, 2008. – Вип. 42. – С. 55-62.

13. Полупан, Ю. П. Генетична детермінація тривалості та ефективності довічного використання чорно-рябої молочної худоби / Ю.П.Полупан // Розведення і генетика тварин : міжвідомчий тематичний науковий збірник. – Київ, 2015. – Вип. 49. – С. 120-133.

14. Меркурьева, Е. К. Биометрия в селекции и генетике сельскохозяйственных животных / Е. К. Меркурьева. – Москва : Колос, 1970. – 423 с.

Поступила 28.02.2018 г.

УДК 636.4:575.174

Н.М. ХРАМЧЕНКО, А.В. РОМАНЕНКО

РАЗРАБОТКА И ТЕСТИРОВАНИЕ СМЕШАННЫХ ЛИНЕЙНЫХ МОДЕЛЕЙ ДЛЯ ПРОГНОЗИРОВАНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ИЗМЕНЧИВОСТИ ПРИЗНАКОВ ПЛЕМЕННОЙ ЦЕННОСТИ СВИНЕЙ

РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук
Беларуси по животноводству»

По результатам тестирования смешанных линейных регрессионных моделей установлено, что наиболее точно соответствуют структуре исследуемых данных следующие

модели: по среднесуточному приросту и содержанию постного мяса – модель, включающая фиксированные факторы породы, пола и хозяйства; по толщине шпика – породы и хозяйства со случайным факторам «отец»; по многоплодию свиноматок – модель, включающую фиксированные факторы породы, хозяйства, регрессию на номер опороса; по массе гнезда к отъёму – породе, хозяйство, регрессию на номер опороса и вес гнезда со случайным фактором «животное». Проведён расчёт племенной (генетической) ценности хряков-производителей и свиноматок на основе смешанных линейных моделей методом BLUP.

Ключевые слова: свиньи, наследуемость, дисперсионный анализ, смешанная линейная модель.

N.M. HRAMCHENKO, A.V. ROMANENKO

DEVELOPMENT AND TESTING OF MIXED LINEAR MODELS FOR PREDICTION OF GENETIC VARIABILITY OF PIGS BREEDING VALUE TRAITS

RUE «Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus on Animal Husbandry»

According to the results of testing of mixed linear regression models, it was determined that the following models correspond to the structure of the studied data most accurately: according to the average daily weight gain and lean meat content - a model including fixed factors of the breed, sex and farm; according to the backfat thickness - breeds and farms with random factors "father"; according to multiplicity of sows - a model that includes fixed factors of the breed, farm, regression to the farrowing number; according to the litter weight - breed, farm, regression to the farrowing number and litter weight with a random factor "animal". Calculation of breeding (genetic) value of producing boars and sows was carried out based on mixed linear models by the BLUP method.

Key words: pigs, heritability, analysis of variance, mixed linear model.

Введение. В настоящее время методики определения генетической ценности животных на основе смешанных линейных моделей занимают доминирующее положение в практической селекционно-племенной работе стран с развитым животноводством, а для большинства видов сельскохозяйственных животных данные методики являются стандартными. Это связано с тем, что оценка животных на основе смешанных моделей обладает следующими преимуществами [1]:

1. Максимально точное разделение средовой и генетической составляющих изменчивости продуктивных признаков.

2. Одновременное сравнение параметров продуктивности, полученных в различных условиях окружающей среды от различных генотипов, а также животных различных поколений.

3. Учёт всех документированных родственных связей.

4. Корректировка значений племенной ценности по отношению друг к другу (учёт генетической конкуренции, уровня спаривания генетического тренда).

5. Высокая точность оценки, что позволяет достигать высокой эффективности селекции.

6. Возможность извлечения дополнительной информации (генетические тренды, уровень управления, эффективность селекции и т.п.).

Следует различать статистический метод и модель, которая используется для описания данных. Метод представляет собой способ расчёта, учитывающий в оцениваемых значениях влияние причинных факторов. Модель же описывает, какие причинные факторы оказывают влияние на продуктивность, при этом для оценки разных видов животных, а зачастую и разных пород одного и того же вида, используются различные модели [2]. Определить оптимальные из них в конкретных условиях ведения племенного дела является задачей учёных.

Использование метода BLUP даёт явные преимущества перед оценкой по фенотипу при:

1. низкой наследуемости признаков;
2. наличии средовых факторов, существенно влияющих на величину признака;
3. наличии в популяции смешанных поколений, когда кандидатами для отбора являются животные разных возрастов [1].

Методология прогноза генотипа по BLUP AM базируется на одно-временной оценке самцов и самок, предков и потомков с учётом всех родственных отношений между животными в стаде. Для расчёта племенной ценности животных используются фенотипические данные. Однако методология BLUP AM настолько совершенна, что среди западных учёных и практиков вошло в употребление выражение «генетическая оценка», подразумевающее под этим высокую степень соответствия прогноза племенной ценности истинному генотипу животного.

BLUP AM прогнозирует генетическую ценность исходя из собственной продуктивности животного, продуктивности всех предков и потомства. Основная задача BLUP AM – это максимально использовать информацию об известных родственниках животного. С одной стороны, все известные родственники животного оказывают влияние на его оценку, с другой стороны, каждое животное вносит вклад в оценку своих родственников. Степень обоюдного влияния зависит от того, насколько тесно животные связаны родством [3].

Аддитивная генетическая связь между животными (a_{xy}) определяется как вероятность того, что два случайно взятых аллеля из случайно взятого локуса идентичны по происхождению, т. е. получены от одного общего предка [3].

В настоящее время существует как коммерческое программное обеспечение, так и бесплатное (ограниченно бесплатное) по расчёту прогнозируемой племенной ценности животных на основе метода BLUP и оценки вариантов используемых моделей. Наиболее распространёнными являются VCE, DMU, BLUPF90. Мы рассмотрим только бес-

платное программное обеспечение, которое изучили и планируем использовать в процессе исследований.

Данные программные комплексы объединяет общая направленность на решение смешанных линейных моделей на основе метода BLUP, как с учётом аддитивной матрицы родства, так и без. Также в программном обеспечении реализованы возможности расчёта более сложных моделей, включающих доминирование, неаддитивные генетические эффекты, G- BLUP.

Цель работы – теоретически обосновать и разработать оптимальные смешанные линейные модели для прогнозирования генетической изменчивости признаков племенной ценности свиней отцовских и материнских пород.

Материал и методика исследований. Теоретическое обоснование использования метода BLUP для расчёта смешанных линейных моделей с целью прогнозирования генетической ценности свиней основано на анализе литературных данных и методического материала зарубежных источников.

Современные подходы к выбору хорошо интерпретируемых моделей оптимальной сложности ориентируются на применение информационных критериев, основанных на функции максимального правдоподобия (REML) и более чувствительных к увеличению числа параметров модели [4].

Исследования проводились на опытной популяции свиней, сформированной на этапе исследований 2016 года.

Критерий выбора оптимальной модели – информационный критерий Акаике (AIC), согласно которому выбирается модель, минимизирующая значение статистики.

$$AIC = \ln \sigma^2 + (2/n)r \quad (1)$$

Байесовский информационный критерий (BIC):

$$BIC = \ln \sigma^2 + (\ln n/n)r \quad (2)$$

где: σ^2 – остаточная сумма квадратов, делённая на количество наблюдений;

n – число наблюдений;

r – число оценённых параметров модели.

Лучшая модель соответствует минимальному значению критериев [4, 5].

Разработка оптимальных смешанных линейных моделей и расчёт прогнозирования генетической ценности признаков племенной ценности свиней отцовских и материнских пород проводились на основе моделей, которые были определены в процессе исследований.

Статистическая обработка данных и расчёт критериев проводились в среде статистического программирования R [5].

Для расчёта смешанных линейных моделей использовалось семейство программ BLUPF90 [6].

Результаты эксперимента и их обсуждение. Классический анализ путей – это статистический метод, используемый для проверки причинно-следственных гипотез с применением нескольких переменных без скрытых переменных, предполагая линейность, многомерную нормальность и достаточный размер выборки. Выбор модели с использованием информационного критерия Акаике (AIC) хорошо установлен для классического анализа путей [1].

Информационный критерий Акаике (AIC), формула (1) – критерий, применяющийся исключительно для выбора из нескольких статистических моделей. Разработан в 1971 г. как «an information criterion» («некий» информационный критерий») Хироцугу Акаике и предложен им в статье 1974 года.

Предпосылкой к созданию критерия послужила задача оценки качества предсказаний модели на тестовой выборке при известном качестве на обучающей выборке при условии, что модель мы настраивали по методу максимума правдоподобия. То есть стояла задача оценки переобучения модели. Акаике, используя теорию информации (в том числе расстояние Кульбака – Лейблера), смог для ряда частных случаев получить искомую оценку.

Байесовский информационный критерий (Bayesian information criterion — BIC) (формула 2) предложен Шварцем в 1978 году, поэтому часто он называется также критерием Шварца (Schwarz criterion — SC). Он разработан исходя из байесовского подхода и является наиболее используемой модификацией AIC. Данный критерий, аналогично критерию Акаике, позволяет сравнить модели с разным числом параметров, когда требуется выбрать наилучший набор объясняющих переменных [7, 8].

Применение формальных критериев необходимо в первую очередь потому, что визуальная оценка графиков зачастую даёт субъективную оценку. Кроме того, не одна, а несколько моделей могут довольно точно соответствовать структуре выборочных данных [4].

Модель прогнозирования тем лучше, чем ниже показатели AIC и BIC. На данные критерии положительно влияет уменьшение остаточной дисперсии и отрицательно – количество включенных параметров. Основным различием между ними является степень жёсткости, то есть насколько велик штраф за большое количество параметров в модели.

Критерии AIC при больших n сильно коррелированы между собой. BIC является наиболее жёстким критерием, причём, как можно увидеть из приведённой формулы (2), в отличие от остальных критериев, его жёсткость возрастает с ростом n .

Для обоснования использования необходимости использования

мультифакторных моделей по среднесуточному приросту, толщине шпика и содержанию постного мяса тестировались 14 биометрических моделей смешанного типа (таблица 1).

Таблица 1 – Перечень тестируемых моделей по признакам собственной продуктивности свиней

№	Модель	№	Модель
1с	$y = B + sir + e$	8с	$y = B + animal + e$
2с	$y = S + sir + e$	9с	$y = S + animal + e$
3с	$y = F + sir + e$	10с	$y = F + animal + e$
4с	$y = B + S + sir + e$	11с	$y = B + S + animal + e$
5с	$y = B + F + sir + e$	12с	$y = B + F + animal + e$
6с	$y = F + S + sir + e$	13с	$y = F + S + animal + e$
7с	$y = B + S + F + sir + e$	14с	$y = B + S + F + animal + e$

Здесь и далее: В – фиксированный фактор «породы», S – фиксированный фактор «пола», F – фиксированный фактор «хозяйства», *sir* – случайный фактор «отец», *animal* – случайный фактор «животное», *e* – остаточная варiances (неучтенные факторы).

Установлено, что все анализируемые модели со случайным фактором «животное» имели более высокие показатели AIC и BIC (таблица 2), что свидетельствует о более точном моделировании оценки животных по отцовской модели. Однако использование отцовской модели позволяет оценить только хряков-производителей, что сильно сужает возможность использования разрабатываемых методик.

Таблица 2 – Критерии оценки смешанных моделей для оценки собственной продуктивности

№	df	AIC	BIC	№	df	AIC	BIC
1	2	3	4	5	6	7	8
Среднесуточный прирост							
1с	7	115042,5	115093,0	8с	7	121221,2	121271,8
2с	4	115052,7	115081,6	9с	4	119973,5	120002,4
3с	8	114487,5	114545,3	10с	8	116687,4	116745,2
4с	8	115020,9	115078,6	11с	8	119847,9	119905,7
5с	12	114444,9	114531,6	12с	12	116561,9	116648,1
6с	9	114486,2	114551,2	13с	9	116660,1	116725,1
7с	13	114443,6	114537,5	14с	13	116535,9	116629,8
Толщина шпика							
1с	6	13073,8	13110,2	8с	6	13366,5	13402,9
2с	4	13103,3	13127,5	9с	4	13378,9	13403,2
3с	8	12953,8	13002,4	10с	8	13175,8	13224,3
4с	7	13071,5	13113,9	11с	7	13325,4	13367,9
5с	11	12936,4	13003,1	12с	11	13138,9	13205,6
6с	9	12953,6	13008,1	13с	9	13167,4	13221,9

Продолжение таблицы 2

1	2	3	4	5	6	7	8
7с	12	12937,2	13009,9	14с	12	13133,2	13205,9
Содержание постного мяса							
1с	6	13017,3	13053,7	8с	6	13648,0	13684,4
2с	4	13027,3	13051,6	9с	4	13491,6	13515,8
3с	8	12761,8	12810,2	10с	8	13036,9	13085,5
4с	7	12988,1	13030,5	11с	7	13428,9	13471,4
5с	11	12743,1	12809,8	12с	11	12991,8	13058,5
6с	9	12752,1	12806,6	13с	9	13008,5	13063,0
7с	12	12734,8	12807,5	14с	12	12967,4	13040,1

Применение: df – число степеней свободы

По среднесуточному приросту по большинству оцениваемых критериев наилучшие показатели имела модель 7с: АИС – 114443,6 и 116535,9, что свидетельствует о предпочтительности использования мультифакторных смешанных моделей. Исключение составил показатель ВИС, в моделях со случайным фактором «отец» он оказался наименьшим в модели 5с. Аналогичная тенденция наблюдалась по признаку содержания постного мяса в теле.

По толщине шпика лучшие значения показателя АИС отмечены у модели 5с – 12936,4 со случайным фактором «отец» и ВИС 13003,1-13205,6 со случайным фактором «животное», однако показатель АИС в данных моделях был лучший в модели 5с – 13133,2. В целом можно отметить, что по данному признаку показатели оцениваемых критериев между моделями 5с и 7с были весьма близкими.

Для выбора наилучших статистических мультифакторных моделей по многоплодию тестировались 7 моделей смешанного типа, по массе гнезда при отъёме – 15 (таблица 3). Установлено, что по репродуктивным признакам наилучшие значения критериев были отмечены у моделей, имеющих максимальное количество учитываемых факторов, модель 7м по многоплодию – 164072,7 и 188815,5; и модель 15о по массе гнезда при отъёме 164284,8 и 189290,0 АИС и ВИС соответственно (таблица 4). Установлено, что для прогнозирования количественных признаков продуктивности молодняка свиней и свиноматок целесообразно использовать мультифакторные биометрические модели смешанного типа. Для среднесуточного прироста и содержания постного мяса наиболее точно соответствует структуре исследуемых данных модель $y = B + S + F + sir + e$, по толщине шпика – $y = B + F + sir + e$ со случайным фактором «отец»; для многоплодия свиноматок – $y = B + F + NF + animal + e$, для массы гнезда к отъёму – $y = B + F + NF + AW + animal + e$ со случайным фактором «животное».

Данные модели имели наименьшие значения критериев Акаики и Шварца.

Таблица 3 – Перечень тестируемых моделей по репродуктивным признакам свиноматок

№	Модель	№	Модель
1м	$y = B + animal + e$	1о	$y = B + animal + e$
2м	$y = F + animal + e$	2о	$y = F + animal + e$
3м	$y = NF + animal + e$	3о	$y = NF + animal + e$
4м	$y = B + F + animal + e$	4о	$y = AW + animal + e$
5м	$y = B + NF + animal + e$	5о	$y = B + F + animal + e$
6м	$y = F + NF + animal + e$	6о	$y = B + NF + animal + e$
7м	$y = B + F + NF + animal + e$	7о	$y = B + AW + animal + e$
		8о	$y = F + NF + animal + e$
		9о	$y = F + AW + animal + e$
		10о	$y = NF + AW + animal + e$
		11о	$y = B + F + NF + animal + e$
		12о	$y = B + NF + AW + animal + e$
		13о	$y = F + NF + AW + animal + e$
		14о	$y = B + F + AW + animal + e$
		15о	$y = B + F + NF + AW + animal + e$

Здесь и далее: NF – фиксированный фактор «номера опороса», AW – фиксированный фактор «возраста отъема».

Таблица 4 – Критерии оценки смешанных моделей для оценки репродуктивных признаков свиноматок

№	df	AIC	BIC	№	df	AIC	BIC
1м	8	165846,3	165914,2	1о	8	202671,2	202735,6
2м	8	165050,4	165118,2	2о	8	198364,9	198429,2
3м	15	166208,7	166336,0	3о	15	206188,2	206308,9
4м	13	164939,6	165049,9	4о	37	197888,2	198185,8
5м	20	164863,8	165033,5	5о	13	198169,8	198274,4
6м	20	164194,9	164364,6	6о	20	201550,4	201711,3
7м	25	164072,7	164284,8	7о	42	194706,7	195044,5
				8о	20	197865,5	198026,3
				9о	42	189594,2	189932,0
				10о	49	197323,3	197717,4
				11о	25	197640,6	197841,7
				12о	54	193990,7	194425,0
				13о	54	189100,6	189534,9
				14о	47	189330,6	189708,6
				15о	59	188815,5	189290,0

Согласно разработанным моделям, с помощью программного обеспечения RENUMF90, REMELF90 и BLUPF90 проведён расчёт племенной ценности хряков-производителей методом BLUP. Так как расчёт племенной ценности на основе BLUP AM предполагает использование матрицы родства, нами была сделана выборка животных из генетически связанной опытной популяции свиней. В выборку вошли племенные хозяйства и республиканские станции искусственного осеменения свиней, ведущие обмен племенным материалом – УП «Полесье-Агроинвест», ГП «ЖодиноАгроПлемЭлита», КХ «Тодрика Б.С.», Минская и Гродненская станции искусственного осеменения свиней. Ввиду отсутствия системы уникальной идентификации племенных свиней составление родословной оцениваемых животных для матрицы родства в используемой выборке проводилось программным путём с присвоением уникальности за счёт использования места рождения и замены недопустимых символов. Необходимо отметить, что использование матрицы родства на больших массивах данных без существенного преобразования номеров родословной затруднительно. Внедряемая система идентификации и прослеживаемости свиней значительно облегчит данный процесс и в среднесрочной перспективе позволит использовать модели с родословной.

Расчёт племенной ценности хряков-производителей и свиноматок сформированной выборки проведён на основе трёх моделей: с матрицей родства (BLUP AM) и без использования матрицы родства (BLUP и BLUP SM). В качестве рандомизированных факторов при прогнозировании племенной ценности использовали как самих животных (модели BLUP AM и BLUP), так и их отцов (BLUP SM без матрицы родства).

В таблице 7 представлены данные взаимосвязи прогнозных оценок, рассчитанных методом BLUP, с фактической продуктивностью животных.

Таблица 7 – Корреляция прогнозных оценок полученных методом BLUP с фактической продуктивностью животных

Показатели	Случайный фактор отец «хряк»		Случайный фактор «животное»		
	n	r^2 BLUP SM	n	r^2 BLUP AM	r^2 BLUP
Среднесуточный прирост	651	0,890	3611	0,916	0,890
Толщина шпика 2	618	0,908	3414	0,890	0,946
Содержание постного мяса	557	0,953	2800	0,936	0,922
Многоплодие	-	-	2635	0,736	0,838
Масса гнезда при отъёме	-	-	2635	0,386	0,478

По признакам откормочной и мясной продуктивности установлена высокая взаимосвязь фенотипического проявления признаков с прогнозом их племенной ценности на основе метода BLUP по всем моделям: корреляция колебалась в пределах 0,890-0,953. По репродуктивным признакам взаимосвязь была ниже: по многоплодию – 0,838-0,736, по массе гнезда при отъёме – 0,386-478.

За исключением среднесуточного прироста модели без матрицы родства (смешанные линейные уравнения) имели более высокие коэффициенты корреляции, что согласуется с теорией. Так, предиктором прогноза племенной ценности без использования матрицы родства является только собственная продуктивность животного, в то время как при использовании матрицы родства предикторами являются само животное и все известные родственники. Следовательно, при исключении матрицы родства математически прогнозная оценка будет ближе к фенотипической.

В таблице 8 представлены аддитивная вариация и остаточная вариация, а также проведён расчёт наследуемости на основе отношения вариаций.

Таблица 8 – Аддитивная и случайная вариации и их соотношение (h^2)

Модель	Аддитивная вариация (σ_a^2)	Случайная вариация (σ_e^2)	Соотношение вариаций (σ_e^2/σ_a^2)	Наследуемость
Среднесуточный прирост				
BLUP SM	4276	4607	1,077	0,480
BLUP AM	4353	3549	0,815	0,551
BLUP	3977	4637	1,166	0,462
Толщина шпика 2				
BLUP SM	2,753	2,560	0,929	0,518
BLUP AM	3,061	1,266	0,414	0,707
BLUP	3,018	1,259	0,417	0,705
Содержание постного мяса в теле				
BLUP SM	4,250	3,052	1,011	0,582
BLUP AM	4,381	1,257	0,287	0,777
BLUP	5,115	1,317	0,257	0,795
Многоплодие				
BLUP AM	1,139	6,994	6,140	0,140
BLUP	1,035	6,904	6,670	0,130
Масса гнезда при отъёме				
BLUP AM	54,65	436,7	7,991	0,111
BLUP	51,35	431,0	8,393	0,106

По всем исследуемым признакам соотношение случайной и аддитивной вариации было лучше в моделях BLUP AM: по среднесуточ-

ному приросту – 0,815, по толщине шпика 2 – 0,414, по содержанию постного мяса – 0,287, по многоплодию – 6,140, по массе гнезда к отъёму – 7,991, что свидетельствует о том, что модель BLUP AM (с матрицей родства) предпочтительнее при прогнозировании (племенной) генетической ценности животных. Стоит отметить, что по всем исследуемым признакам коэффициенты наследуемости находились в пределах справочных значений.

Для признаков репродуктивных качеств рассчитаны коэффициенты генетической и фенотипической корреляции (таблица 9).

Таблица 9 – Генетическая и фенотипическая корреляция многоплодия и массы гнезда при отъёме

	r^2 BLUP AM		r^2 BLUP	
	многоплодие	масса гнезда при отъёме	многоплодие	масса гнезда при отъёме
Многоплодие	-	0,290	-	0,278
Масса гнезда	0,119	-	0,119	-

Примечание: * - выше диагонали – генотипическая, ниже – фенотипическая корреляции

Установлено, что генетическая корреляция признаков репродуктивных качеств свиноматок выше их фенотипической корреляции. По многоплодию и массе гнезда при отъёме она составила 0,290 и 0,278 соответственно для моделей BLUP AM и BLUP. Фенотипическая корреляция этих признаков составила 0,119. Следовательно, можно заключить, что факторы среды (фиксированные факторы модели) оказали значительное влияние на взаимосвязь данных признаков в исследуемой популяции.

Заключение. Для прогнозирования генетической ценности признаков продуктивности свиней разработаны биометрические линейные модели смешанного типа. По результатам их тестирования наиболее точно (оптимально) соответствуют структуре исследуемых данных следующие модели: по среднесуточному приросту и содержанию постного мяса модель включает фиксированный фактор породы, пола и хозяйства, по толщине шпика – породы и хозяйства со случайным факторам «отец». По многоплодию свиноматок модель включает фиксированные факторы породы, хозяйство, регрессию на номер опороса, по массе гнезда к отъёму – породу, хозяйство регрессию на номер опороса и вес гнезда со случайным фактором «животное». Данные модели имели наименьшие значения информационных критериев. Разработаны аддитивные генетические модели на основе BLUP AM, учитывающие при прогнозе продуктивности все известные данные оценки секционированных признаков родственников животного – матрицу родства. Проведен расчёт племенной (генетической) ценности хряков-

производителей и свиноматок на основе смешанных линейных моделей методом BLUP. Установлено, что всем исследуемым признакам соотношение случайной и аддитивной варинсы было лучше в BLUP AM, что свидетельствует о том, что BLUP AM (с матрицей родства) предпочтительнее при прогнозировании (племенной) генетической ценности животных. Коэффициенты наследуемости, рассчитанные на основе вариант BLUP AM в опытной популяции, составили по среднесуточному приросту – 0,551, по толщине шпика 2 – 0,707, по содержанию постного мяса – 0,777, по многоплодию – 0,140, по массе гнезда к объёму – 0,111.

Литература

1. Даншин, В. А. Оценка генетической ценности животных / В. А. Даншин. – Киев : Аграрна наука, 2008. – 180 с.
2. Современные генетические методы в селекции свиней / Н. А. Зиновьева [и др.] ; под. ред. Н. А. Зиновьевой. – Дубровицы : ГНУ ВИЖ Россельхозакадемии, 2011. – 72 с.
3. Кузнецов, В. М. Основы научных исследований в животноводстве / В. М. Кузнецов. – Киров : Зональный НИИСХ Северо-Востока, 2006. – 568 с.
4. Трегуб, А. В. Методика построения методов ARIMA для прогнозирования динамики временных рядов / А. В. Трегуб, И. В. Трегуб // Лесной вестник. – 2011. - № 5. – С. 179-183.
5. Мастицкий С.Э., Шитиков В.К. R: анализ и визуализация данных [Электрон. ресурс]. – 2011-2017. – Режим доступа: <http://r-analytics.blogspot.com>
6. Manual for BLUPF90 family of programs / I. Misztal [et. al.] ; University of Georgia. – Athens, 2015. – 142 p.
7. Информационный критерий Акаике // Википедия – свободная энциклопедия [Электрон. ресурс]. – 2017. – Режим доступа: https://ru.wikipedia.org/wiki/Информационный_критерий_Акаике
8. Носко, В. П. Эконометрика: Введение в регрессионный анализ временных рядов / В. П. Носко. – Москва : МФТИ, 2002. – 273 с.

Поступила 1.03.2018 г.

УДК 636.4.082.266

Р.И. ШЕЙКО, И.П. ШЕЙКО, Т.Н. ТИМОШЕНКО, В.Н. ЗАЯЦ, Н.В. ПРИСТУПА, Е.А. ЯНОВИЧ

ОЦЕНКА НОВЫХ ВАРИАНТОВ ПОРОДНО-ЛИНЕЙНЫХ ГИБРИДОВ ДЛЯ ПРОМЫШЛЕННЫХ КОМПЛЕКСОВ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ХРЯКОВ ИМПОРТНЫХ ПОРОД

РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству»

Установлено, что скрещивание помесных свиноматок КБ×Й и Л×КБ с гибридными хряками Л×Д оказывает положительное влияние на увеличение многоплодия, молочно-