

Н.М. ХРАМЧЕНКО, Р.И. ШЕЙКО, В.Н. ЗАЯЦ, Е.А. ЯНОВИЧ,
А.В. РОМАНЕНКО, А.И. КОНЕК, И.А. АНИХОВСКАЯ

ПРОГНОЗИРОВАНИЕ ПРОДУКТИВНОСТИ СВИНЕЙ НА ОСНОВЕ РЕГРЕССИОННЫХ МОДЕЛЕЙ

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

Введение. Селекционная работа является приоритетом любого свиноводческого хозяйства, т. к. селекционно-генетические исследования, а также применение новейших систем воспроизводства животных играют важную роль в развитии отрасли.

Регистрация данных признаков племенной ценности и родословных – главная движущая сила для генетического улучшения [1]. Однако объем потока первичной информации, обусловленный одновременным рождением большого числа потомков, высокой скоростью роста и быстрой сменой поколений, многократно превышает физические возможности специалистов по ее восприятию и анализу. Созданная в предыдущую пятилетку автоматизированная система управления селекционным процессом в племенных хозяйствах решает эту проблему, однако использование данного программного обеспечения только для ведения селекции в стаде не позволит реализовать в полной мере заложенный в него потенциал. Идентичность признаков и методик оценки позволяет перейти на популяционный уровень при оценке племенной ценности животных, что успешно реализовано в племенном молочном скотоводстве республики.

Единый банк данных признаков племенной ценности животных, на которых основывается принятие селекционных решений, является жизненно важным компонентом любой селекционной программы. Он должен рассматриваться не как вторичный продукт компьютерной системы регистрации (АСУ) данных продуктивности животных, исходно запланированный для разработки краткосрочных селекционных планов [2]. Задача сбора, сопоставления и использования данных для генетической оценки требует хорошей организации и значительных ресурсов. Стоимость и сложность таких систем варьирует в зависимости от типа селекционной организации, типа признаков и методов тестирования [3, 4].

Создание и поддержка банков данных племенных животных возведены в ранг государственных приоритетов, так как использование дан-

ных племенной ценности предков при оценке пробанда значительно сокращает время оценки и повышает ее точность.

Точность селекции в большей степени зависит от качества и количества данных о животных. Генетическое улучшение может быть достигнуто только в том случае, если имеются данные по продуктивности у всех предков родословной. На основании этого может быть спрогнозирована генетическая ценность, и животные с наилучшими прогнозами в раннем возрасте могут быть отобраны в группу родителей следующего поколения, и, следовательно, протяженность генерационного интервала уменьшится, что в свою очередь ускорит генетический прогресс от поколения к поколению [1].

В странах с развитым свиноводством широко используют методы прогнозирования оценки животных на популяционном уровне (метод BLUP), однако это оптимально лишь тогда, когда известны истинные генетические параметры, что возможно получить лишь при обмене генетическим потенциалом между хозяйствами. Кроме того, использование BLUP ведет к отбору близких родственников, что в малых популяциях приводит к увеличению инбридинга, что требует дополнительного регулирования спаривания (ограничение отбора хряков, количества самок, покрываемых одним хряком, и т. д.). Таким образом, только решив вышеизложенные проблемы, можно будет осуществить переход на данную (лучшую) систему оценки. Однако существует немало моделей [5], которые возможно использовать для совершенствования существующей системы селекционной племенной работы.

Отставание Беларуси от уровня ведущих стран мира в использовании информационных технологий и современных средств коммуникаций значительно сократилось. Это связано с решением вопросов оснащения отрасли современной вычислительной техникой и системами связи, что ранее сдерживало разработку и внедрение программно-технических комплексов, ориентированных на решение автоматизации племенного учета, позволяющих формировать базы данных на популяционном уровне, создавать локальные, региональные и отраслевые сети, банки и базы данных – то есть ту инфраструктуру информатизации, которая обеспечивает качественный скачок в решении проблем племенного свиноводства.

Материал и методика исследований. Разработка уравнений множественной регрессии генотипа пробанда на генотип предков осуществлялась в соответствии с методикой Михайлова Н.В. [5].

При прогнозировании племенной ценности животных на основе родословной использовались все доступные комбинации родственников. Определяющим критерием оценки пробанда являлась величина коэффициентов путей между ними (рисунок 1). Так как доля влияния

на генотип четвертого поколения предков ничтожна и находится на уровне 0,0625, решено было использовать данные о трех рядах предков.

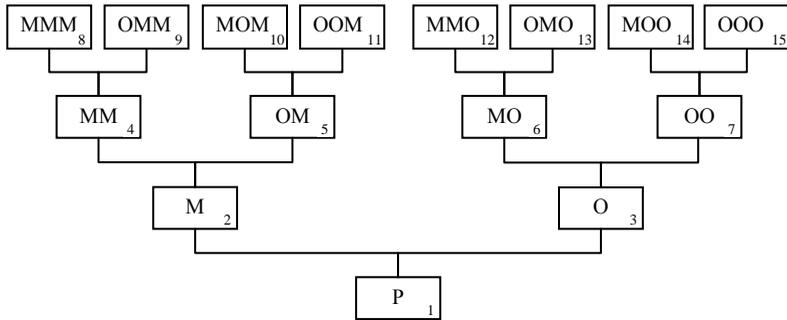


Рисунок 1 – Схема коэффициентов путей между пробандом и предками первого, второго и третьего поколений

Моделирование осуществлялось на основе системы уравнений множественной регрессии, основанной на родственных связях пробанда.

Учитывая, что связи между предками родословной $r_{23} = r_{26} = r_{27} = r_{34} = r_{35} = r_{45} = r_{46} = r_{47} = r_{56} = r_{57} = r_{67} = r_{2\ 12} = r_{2\ 13} = r_{2\ 14} = r_{2\ 15} = r_{38} = r_{39} = r_{3\ 10} = r_{3\ 11} = r_{4\ 10} = r_{4\ 11} = r_{4\ 12} = r_{4\ 13} = r_{4\ 14} = r_{4\ 15} = r_{58} = r_{59} = r_{5\ 12} = r_{5\ 13} = r_{5\ 14} = r_{5\ 15} = r_{68} = r_{69} = r_{6\ 10} = r_{6\ 11} = r_{6\ 14} = r_{6\ 15} = r_{78} = r_{79} = r_{7\ 10} = r_{7\ 11} = r_{7\ 12} = r_{7\ 13} = 0$, уравнение в упрощенной форме приобретает следующий вид:

$$\left\{ \begin{array}{l} r_{12} = \beta_2 + r_{24}\beta_4 + r_{25}\beta_5 + r_{28}\beta_8 + r_{29}\beta_9 + r_{210}\beta_{10} + r_{211}\beta_{11} \\ r_{13} = \beta_3 + r_{36}\beta_4 + r_{37}\beta_7 + r_{312}\beta_{12} + r_{313}\beta_{13} + r_{314}\beta_{14} + r_{215}\beta_{15} \\ r_{14} = r_{24}\beta_2 + \beta_4 + r_{48}\beta_8 + r_{49}\beta_9 \\ r_{15} = r_{25}\beta_2 + \beta_5 + r_{510}\beta_{10} + r_{511}\beta_{11} \\ r_{16} = r_{36}\beta_3 + \beta_6 + r_{612}\beta_{12} + r_{613}\beta_{13} \\ r_{17} = r_{37}\beta_3 + \beta_7 + r_{714}\beta_{14} + r_{715}\beta_{15} \\ r_{18} = r_{28}\beta_2 + r_{48}\beta_4 + \beta_8 \\ r_{19} = r_{29}\beta_2 + r_{49}\beta_4 + \beta_9 \\ r_{110} = r_{210}\beta_2 + r_{510}\beta_5 + \beta_{10} \\ r_{111} = r_{211}\beta_2 + r_{511}\beta_5 + \beta_{11} \\ r_{112} = r_{312}\beta_3 + r_{612}\beta_6 + \beta_{12} \\ r_{113} = r_{313}\beta_3 + r_{613}\beta_6 + \beta_{13} \\ r_{114} = r_{314}\beta_3 + r_{714}\beta_7 + \beta_{14} \\ r_{115} = r_{315}\beta_3 + r_{715}\beta_7 + \beta_{15} \end{array} \right.$$

где: β_i – коэффициенты регрессии, r – коэффициент путей между предками в родословной (индексы соответствуют номерам предков,

рисунок 1).

Коэффициенты наследуемости признаков оценки племенной ценности соответствуют принятым при расчете индексной оценки [6]: многоплодие – 0,15, количество поросят в 21 день – 0,20, молочность – 0,25, среднесуточный прирост – 0,45, толщина шпика – 0,6, содержание постного мяса – 0,7.

Результаты эксперимента и их обсуждение. Представленная в методике система уравнений множественной регрессии позволяет прогнозировать племенную ценность животных по всем известным предкам родословной. Ввиду принятой в Республике Беларусь системы ведения племенного учета по линиям и семействам, в основу которой положены генеалогические линии родоначальников(-и), а также разделение признаков продуктивности на отцовские и материнские, вынужденной мерой явилось использование отцовской и материнской модели. В дальнейшем при совершенствовании системы учета и оценки животных данную методику можно применить при разработке оценок, позволяющих использовать всех имеющихся родственников, в том числе и боковых. Другими словами, чем больше будет оцененных предков в родословной, тем больше будет часть продуктивности животного, обусловленная генетикой. Каждый оцененный предок в родословной приносит к прогнозной оценке животного дополнительную часть оцениваемого признака, обусловленную наследуемостью. Поэтому чрезвычайно важно для точной и более высокой оценки иметь родословную с оцененными предками. Однако данные уравнения в настоящее время использовать весьма проблематично ввиду несовершенства системы учета и оценки животных. Таким образом, разрабатываемые модели прогнозирования основывались на данных прямого родства от матери к дочери или от отца к сыну.

Для упрощения расчета прогнозной оценки составлены следующие модели для расчета коэффициентов регрессии генотипа пробанда на генотип родителей.

М

$$r_{12} = 0.5h^2$$

М + ММ

$$r_{12} = 0.5h^2 = K_1 + 0.5h^2K_2$$

$$r_{14} = 0.25h^2 = 0.5h^2K_1 + K_2$$

М+ММ+МММ

$$r_{12} = 0.5h^2 = K_1 + 0.5h^2K_2 + 0.25h^2K_3$$

$$r_{14} = 0.25h^2 = 0.5h^2K_1 + K_2 + 0.5h^2K_3$$

$$r_{18} = 0.125h^2 = 0.25h^2K_1 + 0.5h^2K_2 + K_3$$

При решении представленных выше систем с известной наследуемостью коэффициенты регрессии генотипа на фенотип приобретают следующие значения (таблица 1).

Таблица 1 – Коэффициенты регрессии генотипа на фенотип

h^2	0,15	0,20	0,25	0,45	0,6	0,7
М	0,075	0,1	0,125	0,225	0,3	0,35
М	0,073	0,096	0,119	0,210	0,280	0,329
+ММ	0,032	0,040	0,048	0,065	0,066	0,060
М	0,073	0,097	0,120	0,213	0,283	0,331
+ММ	0,037	0,049	0,061	0,105	0,128	0,130
+МММ	0,015	0,018	0,020	0,023	0,018	0,013

С целью расчета прогнозной племенной ценности пробандов проведен отбор и анализ животных с данными продуктивности по трем рядам предков: по репродуктивным качествам ОАО «Беловежский» и по собственной продуктивности КУСП «СГЦ Заднепровский» (таблицы 2 и 3).

Таблица 2 – Репродуктивные качества предков пробандов (n-151) по материнской части родословной

Показатели	М	ММ	МММ
Многоплодие, гол	10,36±0,13	11,15±0,17	11,83±0,23
Количество поросят в 21 день, гол.	10,55±0,08	10,38±0,04	9,9±0,10
Молочность, кг	62,25±0,47	60,46±0,28	58,75±0,46

Таблица 3 – Оценка по собственной продуктивности предков (n-55) пробандов по отцовской части родословной

Показатели	О	ОО	ООО
Среднесуточный прирост, г	579,2±6,8	688,0±4,1	697,3±4,5
Толщина шпика, мм	6,79±0,12	8,53±0,18	9,20±0,23
Содержание постного мяса, %	63,3±0,12	60,7±0,13	60,8±0,22

По результатам прогнозирования (таблица 4) можно заключить, что лучшим генетическим потенциалом репродуктивных признаков обладают свиноматки, оцененные по трем рядам предков по материнской линии, что выше показателей пробандов оцененных по матери и 2 рядам предков на 58,1-71,0 и 19,3-21,2 %, соответственно.

Таблица 4 – Прогнозируемая генетическая составляющая репродуктивных признаков свиноматок (n-151)

Показатели Составляющие модели	Многоплодие, гол	Количество поросят в 21 день, гол.	Молочность, кг
	M±m	M±m	M±m
M	0,80±0,01	1,06±0,01	7,78±0,06
M+MM	1,13±0,01	1,43±0,01	10,31±0,06
M+MM+MMM	1,37±0,01	1,71±0,01	12,33±0,06

По данным прогнозирования оценки собственной продуктивности можно заключить, что превосходство прогнозирование по трем поколениям отцов составило 35,2-49,0 и 22,4-21,7 %, соответственно, над оценкой только по отцу и по отцу и деду (таблица 5).

Таблица 5 – Прогнозируемая генетическая составляющая признаков оценки по собственной продуктивности, рассчитанная на основе родословной (n-55)

Показатели Составляющие модели	Среднесуточный прирост, г	Толщина шпика, мм	Содержание постного мяса, %
	M±m	M±m	M±m
O	156,9±1,0	2,76±0,07	21,27±0,08
O+OO	191,2±1,0	3,14±0,07	23,63±0,07
O+OO+OOO	234,1±1,1	3,82±0,08	28,80±0,08

Стоит отметить, что с увеличением наследуемости оцениваемых признаков превосходство прогноза при увеличении числа вовлеченных в оценку животных сокращалось. Так, разница между прогнозной оценкой признака с самой низкой наследуемостью (многоплодие) только по матери и прогнозом по трем рядам предков составила более 71 %, в то время как по содержанию мяса в туше (признак с самой высокой наследуемостью) – 35,2 %. Как следствие, для признаков с высокой наследуемостью для подбора пар для последующего отбора животных достаточно знать продуктивность одного ряда предков, а оценка по собственной продуктивности будет окончательной оценкой животных по признакам с высокой наследуемостью. В данном случае связь между генотипом и фенотипом можно выразить следующей формулой: $X_1 = h^2 * X_2$.

Как следует из формулы, генетическая составляющая генотипа животного напрямую зависит от величины коэффициента наследуемости оцениваемого признака. Привлечение к оценке генотипа пробанда его

предков может значительно повысить долю генотипической оценки только при низких показателях наследуемости признака, так как при высоких показателях наследуемости для суждения о племенной ценности особи достаточно сведений о пробанде.

Таким образом, для решения задачи увеличения доли генетической составляющей оценки признаков племенной ценности с низкой наследуемостью нами были разработаны регрессионные модели, основанные на привлечении к оценке по собственной продуктивности предков пробанда.

P + M

$$r_{11} = h^2 = K_1 + 0.5h^2K_2$$

$$r_{12} = 0.5h^2 = 0.5h^2K_1 + K_2$$

P + M + MM

$$r_{11} = h^2 = K_1 + 0.5h^2K_2 + 0.25h^2K_3$$

$$r_{12} = 0.5h^2 = 0.5h^2K_1 + K_2 + 0.5h^2K_3$$

$$r_{14} = 0.25h^2 = 0.25h^2K_1 + 0.5h^2K_2 + K_3$$

P + M + MM + MMM

$$r_{11} = h^2 = K_1 + 0.5h^2K_2 + 0.25h^2K_3 + 0.125h^2K_4$$

$$r_{12} = 0.5h^2 = 0.5h^2K_1 + K_2 + 0.5h^2K_3 + 0.25h^2K_4$$

$$r_{14} = 0.25h^2 = 0.25h^2K_1 + 0.5h^2K_2 + K_3 + 0.5h^2K_4$$

$$r_{18} = 0.125h^2 = 0.125h^2K_1 + 0.25h^2K_2 + 0.5h^2K_3 + K_4$$

Среди признаков, используемых в оценке племенной ценности свиной, к признакам с низкой наследуемостью относятся многоплодие, молочность, количество поросят в 21 день – коэффициенты наследуемости 0,15, 0,25 и 0,20, соответственно.

При решении представленных выше систем с известной наследуемостью признаков коэффициенты регрессии генотипа на фенотип приобретают следующие значения (таблица 6).

Таблица 6 – Коэффициенты регрессии генотипа на фенотип

Коэффициенты наследуемости	0,15	0,20	0,25
1	2	3	4
P + M			
Пробанд	0,1451917	0,191919	0,238095
Мать	0,0641106	0,080808	0,095238
P + M + MM			
Пробанд	0,14431	0,190598	0,236364
Мать	0,06212	0,077670	0,090909
Мать матери	0,02743	0,032703	0,036364

Продолжение таблицы 6

1	2	3	4
P + M + MM + MMM			
Пробанд	0,144151	0,19038	0,23611
Мать	0,061755	0,07716	0,090278
Мать матери	0,026582	0,031442	0,034722
Мать матери матери	0,011738	0,0132385	0,013889

Для наглядности представленных формул нами был проведен анализ генотипической составляющей признаков репродуктивных качеств (многоплодие, количество поросят в 21 день, молочность) 21 свиноматки ОАО Беловежский (таблица 7 и 8), как по собственной продуктивности, так и с привлечением предков по матери.

Таблица 7 – Репродуктивные качества свиноматок и их предков по материнской части родословной (n-21)

Показатели	P	M	MM	MMM
Многоплодие, гол	10,9±0,2	10,1±0,2	10,9±0,5	12,2±0,6
Количество поросят в 21 день, гол.	9,4±0,6	10,0±0,5	10,2±0,5	9,8±0,3
Молочность, кг	63,6±1,4	59,9±1,1	59,7±0,5	60,1±1,3

Таблица 8 – Генетическая составляющая признаков репродуктивных качеств свиноматок (n-21)

Показатели Составляющие модели	Многоплодие, гол	Количество поросят в 21 день, гол.	Молочность, кг
P	1,64±0,04	1,88±0,11	15,89±0,36
P+M	2,23±0,04	2,61±0,11	20,84±0,35
P+M+MM	2,50±0,04	2,90±0,11	22,64±0,35
P+M+MM+MMM	2,61±0,03	3,01±0,11	23,32±0,35

Установлено, что при привлечении данных о матерях генетическая составляющая увеличилась по многоплодию на 42,5-56,0 %, по количеству поросят в 21 день – на 38,6-58,4 %, по молочности – на 25,2-40,3 % в сравнении с оценкой по собственной продуктивности.

С увеличением количества привлеченных родственников генетическая составляющая признаков увеличилась на 0,19 гол., 0,4 гол. и 2,4 кг по многоплодию, количеству поросят в 21 день и молочности, соответственно.

Следует отметить, что для прогнозирования племенной ценности целесообразно использовать животных и их предков, оцененных в

одинаковых условиях кормления и содержания (то есть в рамках одного хозяйства), так как в настоящее время материально-техническая база хозяйства оказывает влияние на продуктивность больше, чем генетические особенности животных. Установлено, что для прогнозирования продуктивности животных следует использовать данные предков, оцененных в одинаковых производственных условиях.

Заключение. Разработаны формулы прогнозирования генетической составляющей признаков племенной ценности животных по прямому родству от матери к дочери и от отца к сыну, так как на основе данного родства можно значительно повысить точность оценки. Разработан метод уточнения генетической составляющей оценки признаков племенной ценности с низкой наследуемостью (многоплодие, молочность, количество поросят в 21 день). Установлено, что привлечение к оценке по собственной продуктивности данных материнской части родословной позволяет увеличить генетическую составляющую признаков с низкой наследуемостью на 25,2-58,4 %.

Литература

1. Методы генетического улучшения для поддержания устойчивого использования генетических ресурсов животных // FAO [Electronic resource]. – 2012. – Mode of access: www://fao.org/docrep/012/a125r/a1250r18.pdf
2. Bocard, M. Genetic improvement in dairy cattle – an outsider’s perspective / M. Bocard // *Livestock Production Science*. – 2002. – Vol. 75. – P. 1-10.
3. Practical aspects in setting up a National cattle breeding program for Ireland / V. E. Olori [et al.] // Invited paper presented at the EAAP meeting in Uppsala, Sweden (5-8 June 2005). – Uppsala, 2005. – P. 316-326
4. Wickham, B. W. 2005. Establishing a shared cattle breeding database: Recent experience from Ireland / B. W. Wickham // *Performance recording*. – Wageningen : Wageningen Academic Publishers, 2005. – No. 113. – P. 339-342.
4. Михайлов, Н. В. Селекционно-генетические аспекты оценки наследственных качеств животных / Н. В. Михайлов, В. Д. Кабанов, Г. А. Каратунов. – Новочеркасск, 1996. – 63 с.
5. Республиканская программа по племенному делу в животноводстве на 2007-2010 годы. Основные зоотехнические документы по селекционно-племенной работе в животноводстве : сборник технологической документации / Науч.-практический центр Нац. акад. наук Беларуси по животноводству ; рук. разработ. : Н. А. Попков [и др.]. – Жодино, 2008. – 475, [1] с.

Поступила 12.03.2013 г.