

УДК 636. 082 636:51

ДИНАМИКА КОЭФФИЦИЕНТОВ РЕГРЕССИИ b_i В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ИЗМЕНЕНИЯ СЕЛЕКЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ПАРАМЕТРОВ ПРИ ОЦЕНКЕ И ОТБОРЕ МОЛОЧНОГО СКОТА ПО КОМПЛЕКСУ ПРИЗНАКОВ

В.П.Гавриленко, доктор сельскохозяйственных наук
ФГОУ ВПО «Ульяновская государственная сельскохозяйственная академия»

Современная селекция животных основана на учете ряда ведущих признаков отбора: уровня продуктивности, регулярной плодовитости, приспособленности к комплексной механизации, устойчивости к заболеваниям и т.д. Однако, чем больше признаков отбора, тем меньше вероятность прогресса по каждому из них [5]. Поэтому для оптимизации отбора животных по комплексу хозяйственно-биологических признаков целесообразно применять метод селекционных индексов [1], [3], [4]. Исследования проведены на животных симментальской породы в племенном заводе «10-лет Октября» Черниговской области. Исходные данные для расчета селекционного индекса следующие: наследуемость (h_i^2) удою, содержания жира в молоке и коэффициента воспроизводства в среднем за первые три лактации соответственно равны 0,48; 0,60 и 0,14; стандартное отклонение этих признаков (S_i) – 921; 0,10 и 7,58; коэффициенты фенотипической корреляции между признаками (r_{ij}) – 0,087; -0,28 и 0,06, генетической (rg_{ij}) – 0,082; 0,045 и 0,69, а весовые значения признаков (a_i) – 0,3; 165 и 185.

Селекционный индекс (SI) вычисляли по уравнению множественной регрессии: $SI = b_i \sum (x_i - \bar{x}_i)$, где b_i – коэффициенты регрессии;

x_i – фенотипические показатели животных; \bar{x}_i

– фенотипические показатели популяции, стада.

Частные коэффициенты регрессии b_i были вычислены с учетом наследуемости (h_i^2), фенотипического стандартного отклонения (σ_i), экономического значения каждого признака в селекции (a_i), а также фенотипических (r_{ij}) и генетических (rg_{ij}) корреляций между

ними. При этом вектор частных коэффициентов регрессии \mathbf{b} получен умножением обратной фенотипической \mathbf{P}^{-1} и генетической \mathbf{G} матриц на вектор весовых коэффициентов признаков \mathbf{a} : $\mathbf{b} = \mathbf{P}^{-1} \times \mathbf{G} \times \mathbf{a}$, с учетом

трех признаках селекции: удою, содержание жира в молоке и коэффициента воспроизводства (КВ), [2].

Стандартное отклонение селекционного индекса (σ_i) и суммарного генотипа (σ_H) определяли по следующим формулам:

$$\sigma_i = \sqrt{\mathbf{b}' \mathbf{P} \mathbf{b}}; \sigma_H = \sqrt{\mathbf{a}' \mathbf{G} \mathbf{a}}$$

где – \mathbf{a}' , \mathbf{b}' – транспонированные векторы \mathbf{a} и \mathbf{b} ; \mathbf{P} – фенотипическая матрица коварианс и коварианс; \mathbf{G} – генетическая матрица.

Коэффициент корреляции между селекционным индексом и суммарным генотипом (R_{IH}) вычисляли по следующей формуле: $R_{IH} = \sigma_i / \sigma_H$. Так как частные коэффициенты регрессии b_i в формуле селекционного индекса (SI) задают величину и направление отбора каждой оцениваемой особи по комплексу признаков, методом моделирования на ЭВМ определяли зависимость частных коэффициентов регрессии b_i от величины наследуемости h_i^2 , фенотипического стандартного отклонения S_i , фенотипической r_{ij} и генетической rg_{ij} корреляции между признаками. При этом методом моделирования на ЭВМ уравнений $\mathbf{b} = \mathbf{P}^{-1} \times \mathbf{G} \times \mathbf{a}$; $\sigma_i = \sqrt{\mathbf{b}' \times \mathbf{P} \times \mathbf{b}}$;

$\sigma_H = \sqrt{\mathbf{a}' \times \mathbf{G} \times \mathbf{a}}$ и $R_{IH} = \sigma_i / \sigma_H$ нами изучена

динамика коэффициентов регрессии b_i в зависимости от изменения наследуемости (h_i^2)

признаков, включенных в селекционный индекс, стандартного отклонения признаков (S_i), фенотипической (r_{ij}) и генетической (rg_{ij}) корреляции между признаками, а также весовых коэффициентов (a_i).

При этом также было вычислено стандартное отклонение индекса (σ_I) суммарного генотипа (σ_H) и коэффициент корреляции между селекционным индексом и суммарным генотипом (R_{IH}) при каждом изменении величины вышеназванных параметров.

В результате установлено, что изменение наследуемости удоя в среднем за первые три лактации ($h^2_1=0...0.5$) при $h^2_2=0.60$ и $h^2_3=0.14$ коэффициент регрессии (b_1) варьирует от 0,030 при $h^2_1=0$ до 0,175 при $h^2_1=0,5$, т.е. увеличиваются в 5,8 раза.

Коэффициенты регрессии b_2 и b_3 при подобных параметрах изменяются незначительно: b_2 – на 0,36%, а b_3 – на 17,8%. Стандартное отклонение селекционного индекса (σ_I) с увеличением наследуемости удоя (h^2_1) возрастает от 344,1 до 383,6, а суммарного генотипа (σ_H) соответственно от 533,6 до 560,4. Коэффициент корреляции между индексом и суммарным генотипом (R_{IH}) при этом достаточно высокий (0,64...0,68).

Изменение наследуемости содержания жира в молоке ($h^2_2=0...0.5$) при значениях наследуемости удоя симментальских коров изучаемого стада в среднем за первые три лактации ($h^2_1=0.48$) и коэффициента воспроизводства ($h^2_3=0.14$) показывает, что коэффициент b_1 при этом уменьшается

от 0,20 до 0,172 (или на 14%). Коэффициент b_2 значительно варьирует: от -312,5 при полной энтропии наследуемости жирности молока ($h^2_2=0$) до 2480 при $h^2_3=0.5$, а b_3 незначительно уменьшается – от 32,7 до 29,8. Стандартное отклонение индекса (σ_I) возрастает с увеличением $h^2_2=0.5$ с 264,0 до 362,0, а суммарного генотипа (σ_H) изменяется незначительно (550,0...558,4). Поэтому коэффициент корреляции между индексом и суммарным генотипом увеличивается от 0,48 $h^2_2=0$ до 0,65 $h^2_2=0.14$. При $h^2_2=0.6$ – фактической наследуемости жирности молока симментальских коров данного стада ($R_{IH}=0,68$).

Изменение наследуемости (h^2_3) коэффициента воспроизводства (КВ) приводит к увеличению всех коэффициентов регрессии b_i , причем на значительную величину. Так, коэффициент b_1 увеличивается в 1,9 раза, b_2 при $h^2_3=0$ имеет минимальное значение

(71,0), а с повышением наследуемости КВ до 0,5 возрастает до значения 4837, а b_3 увеличивается в 18,7 раза. При этом изменяется стандартное значение индекса (σ_I) от 139,1 до 905,0 и агрегативного (суммарного) генотипа (σ_H) от 192,9 до 1010,3, а коэффициент корреляции между индексом и суммарным генотипом возрастает до максимальной величины ($R_{IH}=0.90$).

Таким образом, изменение наследуемости признаков, включенных в селекционный индекс (SI), приводит к изменению коэффи-

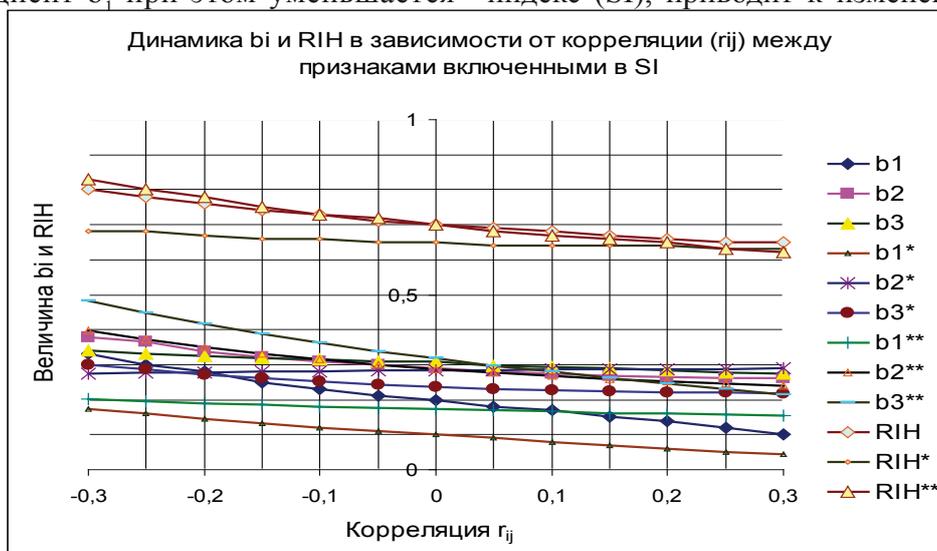


Рис.1. Зависимость коэффициентов b_i и R_{IH} от величины фенотипической корреляции между признаками, включенными в SI.

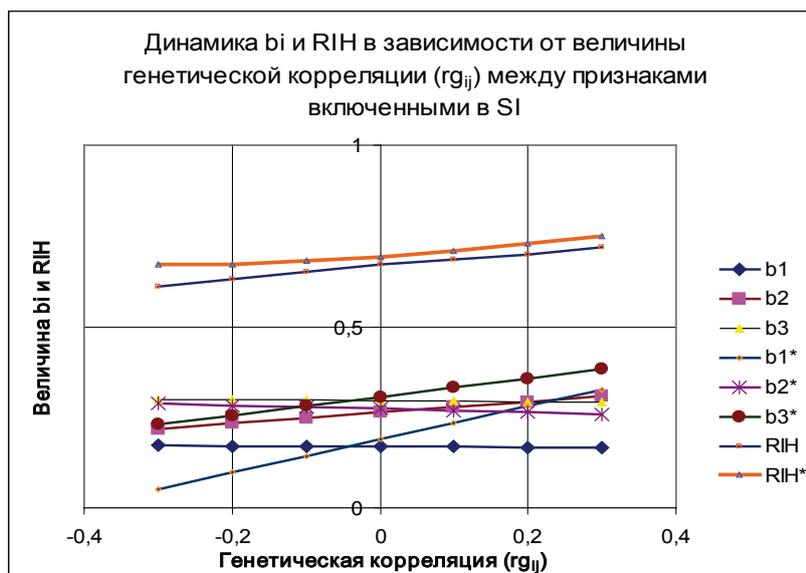


Рис. 2. Зависимость коэффициентов b_i и R_{IH} от величины генетической корреляции между признаками, включенными в SI.

циентов регрессии (b_i) в сторону увеличения или уменьшения. Стандартное отклонение индекса (σ_I) и суммарного генотипа (σ_H) при всех итерациях возрастает, а коэффициент корреляции между индексом и суммарным генотипом (R_{IH}) увеличивается до 0,65...0,90.

Коэффициенты регрессии (b_i) при изменении корреляции между удоем и содержанием жира в молоке симментальских коров от -0,30 до +0,30 снижаются соответственно в 3,1, 1,4 и 1,2 раза. В этом случае стандартное отклонение индекса (σ_I) тоже снижается с 447,7 до 362,1 (в 1,2 раза), а суммарного генотипа $\sigma_H=559,2$ остается неизменным. Поэтому коэффициент корреляции между индексом и суммарным генотипом (R_{IH}) также снижается в 1,2 раза (от 0,80 до 0,65).

Зависимость b_i , σ_I , σ_H и R_{IH} от величины корреляции (рис.1) между удоем и КВ ($r_{13} = -0,30...+0,30$; $r_{12} = 0,087$; $r_{23} = 0,06$) свидетельствует о том, что с возрастанием корреляции между удоем и коэффициентом воспроизводства от -0,30 до +0,30 коэффициент регрессии b_1 снижается в 3,5 раза, b_3 – в 1,4 раза, а b_2 увеличивается в 1,1 раза.

Стандартное отклонение индекса σ_I также снижается в 1,1 раза, суммарного генотипа σ_H остается неизменным. Поэтому уменьшается и величина корреляции между индексом и суммарным генотипом (R_{IH}) от 0,68 до 0,63. Изменение коэффициентов регрессии (b_i) и корреляции между селек-

ционным индексом и суммарным генотипом (R_{IH}) в зависимости от направления и величины связи между содержанием жира в молоке и коэффициентом воспроизводства ($r_{23} = -0,30...+0,30$; $r_{12} = 0,087$, $r_{13} = -0,28$) показывает, что при возрастании величины этой корреляции (от -0,30 до +0,30) коэффициенты b_i снижаются соответственно в 1,3; 1,6; и 2,2 раза. Стандартное отклонение индекса σ_I снижается в 1,3 раза, суммарного генотипа σ_H остается неизменным, а величина корреляции между индексом и суммарным генотипом (R_{IH}) уменьшается с 0,83 до 0,62, т.е. в 1,3 раза рис.1.

Таким образом, изменение фенотипической корреляции между признаками, включенными в селекционный индекс (от -0,3 до +0,3), приводит к изменению коэффициентов регрессии (b_i) в сторону уменьшения. Стандартное отклонение индекса (σ_I) при этом также снижается, а суммарного генотипа (σ_H) при всех итерациях остается неизменным. Поэтому коэффициент корреляции между индексом и суммарным генотипом (R_{IH}) снижается в зависимости от изменения (r_{ij}) соответственно от 0,80; 0,68; 0,83 до 0,65; 0,63 и 0,62.

Влияние генетической корреляции на динамику коэффициентов регрессии (b_i), стандартного отклонения индекса (σ_I) и суммарного генотипа (σ_H), а также корреляцию между (SI) и суммарным генотипом (R_{IH}) в зависимости от ее изменения в пределах

($rg_{12}, rg_{13} = -0,3 \dots +0,3$; $rg_{23} = 0,65 \dots 0,7$) показано на рисунке 2.

Наблюдается незначительное уменьшение величины коэффициентов регрессии (b_1 и b_3) при увеличении генетической корреляции между удоем и содержанием жира в молоке симментальских коров соответственно $0,172 \dots 0,167$ и $30,0 \dots 29,2$, а коэффициент b_2 увеличивается в 1,4 раза. В этом случае стандартное отклонение индекса (σ_I) возрастает с 341,0 до 406 (в 1,2 раза), а суммарного генотипа (σ_H) остается практически неизменным. Поэтому коэффициент корреляции между индексом и суммарным генотипом (R_{IH}) также повышается в 1,2 раза (от 0,61 до 0,72). Увеличение генетической корреляции между удоем и коэффициентом воспроизводства симментальских коров от $-0,30$ до $+0,30$ приводит к возрастанию b_1 и b_3 соответственно в 6,3 и 1,7 раза. Коэффициент b_2 при этом возрастает на 10%, что приводит к увеличению стандартного отклонения индекса (σ_I) и суммарного генотипа соответственно в 1,3 и 1,2 раза. Поэтому коэффициент корреляции между индексом и суммарным генотипом (R_{IH}) также повышается в 1,1 раза (от 0,67 до 0,75). Изменение генетической корреляции между содержанием жира в молоке и КВ (rg_{23}) от 0,65 до 0,70 практически не влияет на коэффициенты b_i , стандартное отклонение индекса (σ_I), суммарного генотипа (σ_H) и корреляцию между индексом и суммарным генотипом (R_{IH}). Вариация этих параметров составляет

$0,74 \dots 7,4\%$.

Одним из параметров, включаемых в селекционный индекс, является стандартное отклонение признака (S). Этот параметр величина именованная (выражается в тех единицах измерения, что и признак), мы провели анализ его влияния на динамику коэффициентов регрессии (b_i), стандартного отклонения индекса (σ_I) и суммарного генотипа (σ_H), а также корреляцию между (SI) и суммарным генотипом (R_{IH}) в зависимости от изменения S_i в пределах биологической нормы изменчивости признаков, включенных в SI (рис. 3).

Изменение стандартного отклонения удоя S_1 приводит к снижению коэффициентов регрессии b_1 и b_2 соответственно на $8,9 \dots 0,9\%$, а b_3 к увеличению на 15%. С повышением изменчивости удоя возрастает стандартное отклонение индекса (σ_I) от 357,9 до 418,0, суммарного генотипа (σ_H) от 539,3 до 596,9, а коэффициент корреляции между индексом и суммарным генотипом до величины ($R_{IH}=0,70$). Изменение стандартного отклонения содержания жира в молоке S_2 от 0,02 до 0,2% показывает, что коэффициенты b_1 и b_3 при этом практически не изменяются. Их значения равны соответственно $0,168 \dots 0,170$ и $29,2 \dots 29,9$. Коэффициент b_2 значительно снижается (в 9,4 раза) от 13991 до 1426. Стандартное отклонение индекса (σ_I) возрастает с увеличением S_2 с 373,9 до 390,8, а суммарного генотипа (σ_H) изменяется незначительно ($552,1 \dots 568,2$).

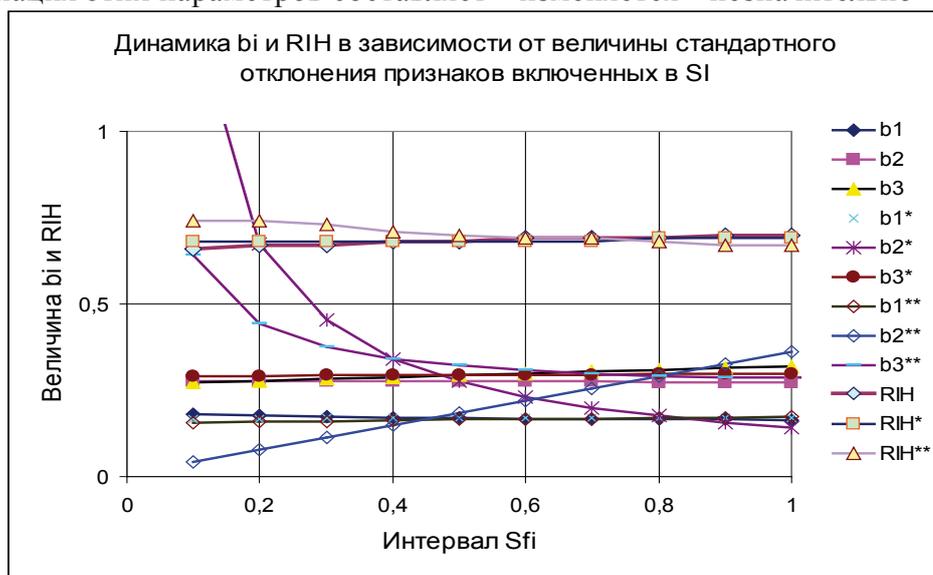


Рис. 3. Изменение коэффициентов b_i и R_{IH} в зависимости от величины стандартного отклонения признаков, включенных в SI.

Поэтому коэффициент корреляции между индексом и суммарным генотипом несколько увеличивается от 0,68 до 0,69. При увеличении изменчивости коэффициента воспроизводства ($S_3=1,0 \dots 10,0$). Коэффициенты b_1 и b_2 увеличиваются соответственно в 1,1 и 8,5 раза, а b_3 уменьшается в 2,3 раза. Стандартное отклонение индекса (σ_I) возрастает с увеличением S_3 с 152,5 до 482,1, а суммарного генотипа (σ_H) с 205,0 до 718,8. Коэффициент корреляции между индексом и суммарным генотипом с возрастанием изменчивости S_3 снижается с 0,74 до 0,67.

В результате исследований установлено, что величина частных коэффициентов

регрессии b_i в большей степени зависит от наследуемости признаков и их стандартного отклонения и в меньшей мере от фенотипической и генетической корреляции между признаками. Поэтому для получения несмещенных оценок популяции селекционно-генетические параметры необходимо вычислять на больших выборках ($n=760$ и более животных) при определенной их структуре как рекомендовано в [1], [3], [5], [6], используя соответствующие дисперсионные комплексы, или в парах мать-дочь, по внутриотцовской регрессии дочерей на матерей, применяя ковариационный анализ.

Литература:

1. Басовский Н.З. Популяционная генетика в селекции молочного скота. – М.: Колос, 1983. – С.3–35.
2. Винничук Д.Т., Гавриленко В.П. Селекционный индекс в оценке молочного скота // Цитология и генетика. – 1989. – Т.23. – №2. – С. 59–62.
3. Методические рекомендации по применению селекционно-генетических параметров в племенной работе / Н.З. Басовский, В.П. Попов, Б.П. Завертяев, Л.П.Шульга. – Л.: Изд. ВНИИ разведения и генетики с.-х. животных, 1974.– 71 с.
4. Sumpe D. Eine weitere Methode zur Konstruktion zuchterisch begrundeter Selektionsindizes // Archiv fur Tierzucht. – Berlin, 1981. – Bd. 24. –N. 5. – S. 419–426.
5. Теоретические основы селекции животных / З.С.Никоро, Г.А.Стакан, З.Н. Харитонова и др. – М.: Колос, 1968. – С.205 – 252.
6. Эйсер Ф.Ф. Теория и практика племенного дела в скотоводстве. – К.: Урожай, 1981. – С. 15–55.

УДК 636.237.21.2

НЕКОТОРЫЕ ХОЗЯЙСТВЕННО-ПОЛЕЗНЫЕ ПРИЗНАКИ БЕСТУЖЕВСКИХ КОРОВ РАЗНЫХ ГЕНОТИПОВ

А.А. Толманов, доктор сельскохозяйственных наук, профессор
ФГОУ ВПО «Ульяновская сельскохозяйственная академия»

На современном этапе развития молочного скотоводства происходит реконструкция пород молочного и комбинированного направления продуктивности при использовании высокопродуктивных пород мирового генофонда, в частности голштинской.

Восстановление поголовья скота в стране сегодня является проблемой номер один. Увеличение поголовья скота в хозяйствах обусловлено сроками использования коров и их

плодовитостью. Воспроизводительная способность животных зависит от породных особенностей, условий выращивания, кормления и содержания.

Использованию голштинской породы для улучшения продуктивных и племенных качеств бестужевского скота посвящена данная работа.

Исследованиями охвачено все поголовье коров племзавода «Волга» Цильнинского