

УДК 636.081.1

Адрес ПЕВКУР, Рейн ТЕЙНБЕРГ

РЕЗУЛЬТАТЫ СРАВНЕНИЯ РАЗНЫХ МЕТОДОВ ОЦЕНКИ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ЦЕННОСТИ БЫКОВ-ПРОИЗВОДИТЕЛЕЙ

Достоверная оценка генетической ценности быков-производителей занимает решающее значение в условиях применения искусственного осеменения. Ключевым вопросом в оценке быков-производителей является продуктивность их потомков.

В настоящее время для оценки племенной ценности быков используют различные методы, но с популяционно-генетической точки зрения заслуживают внимания следующие (Grade, 1984):

- 1) сравнение со сверстницами (СС-тест);
- 2) метод регрессии матерей-дочерей;
- 3) модифицированное сравнение со сверстницами;
- 4) метод сравнения с одностадницами;
- 5) метод наименьших квадратов;
- 6) непосредственное сравнение отцов (BLUP);
- 7) регрессионная племенная оценка на основе метода наименьших квадратов.

В ряде развитых стран при оценке быков молочных пород все более широкое распространение приобретает метод BLUP (best linear unbiased prediction — наилучший линейный несмещенный прогноз), предложенный Хендерсоном (Henderson, 1949). Из вышеперечисленных этот метод наиболее точен и универсален, в наибольшей степени отвечает требованиям, предъявляемым оценке племенной ценности быков-производителей. Отличие метода BLUP от ранее используемых методов состоит в следующем (Кузнецов и др., 1987).

1. Одновременное оценивание всех факторов, влияющих на оценку племенной ценности быка-производителя (стадо, год, сезон и др.).

2. Оценивание быка производится: а) случайным выбором внутри известной в племенном отношении популяции, б) по продуктивности дочерей быков.

При оценке быков-производителей методом BLUP исходят из смешанной (линейной) модели с фиксированными и случайными эффектами (Henderson, 1959)

$$y_{ijkl} = \mu_l + h_i + g_j + s_{jk} + e_{ijkl}, \quad (1)$$

где y_{ijkl} — продуктивность l -ой первотелки, дочери k -быка, относящегося к j -ой генетической группе, лактировавшей в i -ом стаде; μ — популяционная средняя; h_i — фиксированный эффект i -го стада; g_j — фиксированный эффект j -ой генетической группы; s_{jk} — случайный генетический эффект k -го быка, относящегося к j -ой генетической группе; e_{ijkl} — случайный (остаточный) эффект.

После объединения различных фиксированных эффектов в вектор \mathbf{b} и обозначения вектором \mathbf{u} случайных эффектов внутри групп, получим

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Zu} + \mathbf{e}, \quad (2)$$

где \mathbf{y} — вектор наблюдаемых переменных; \mathbf{b} — вектор ненаблюдаемых фиксированных эффектов; \mathbf{u} — вектор ненаблюдаемых случайных эффектов; \mathbf{e} — вектор случайных ненаблюдаемых остаточных эффектов; \mathbf{X} , \mathbf{Z} —

известные матрицы, относящиеся к оцениваемым эффектам. Математическим ожиданием E для \mathbf{y} , \mathbf{u} , \mathbf{e} являются

$$\begin{aligned} E(\mathbf{y}) &= X\mathbf{b} = \mu, \\ E(\mathbf{u}) &= 0, \\ E(\mathbf{e}) &= 0. \end{aligned}$$

Известными дисперсиями являются

$$\begin{aligned} \text{Var}(\mathbf{y}) &= ZGZ' + R = V; \\ \text{Var}(\mathbf{u}) &= G; \\ \text{Var}(\mathbf{e}) &= R; \\ \text{Cov}(\mathbf{y}, \mathbf{u}) &= ZG = C. \end{aligned}$$

Оценим прогнозируемую разность $w = P\mathbf{b} + \mathbf{u}$ с помощью $E(w) = P\mathbf{b}$, где P — матрица фиксированных эффектов, включаемых в оценку прогнозируемой разности дочерей производителя.

Уравнение смешанной модели для вычисления оценок \hat{b} и \hat{u} имеет вид

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}. \quad (3)$$

При условии, что остаточные эффекты (e) не коррелируют между собой и имеют равную дисперсию $I\sigma e^2$, R — диагональная матрица $I\sigma e^2$. Тогда уравнение можно упростить и записать

$$\begin{bmatrix} XX' & X'Z \\ Z'X & Z'Z + e^2G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Z'y \\ X'y \end{bmatrix}. \quad (4)$$

При отсутствии ковариаций между случайными эффектами (u) и при условии, что $V(u_i) = \sigma u^2$, G есть диагональная матрица $I\sigma u^2$. Тогда $\sigma e^2G^{-1} = \sigma e^2/\sigma u^2$. $I = \lambda I$ и уравнение смешанной модели примет вид

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + \lambda I \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}, \quad (5)$$

где λ — отношение остаточной дисперсии к дисперсии случайных эффектов.

Племенная ценность быка-производителя (ZW) по методу BLUP вычисляется как удвоенная сумма оценок эффекта генетической группы и производителя данной группы

$$ZW_{(BLUP)jk} = 2(\hat{g}_j + \hat{s}_{jk}). \quad (6)$$

Для сравнения результативности разных методов, племенную ценность 54 быков эстонской черно-пестрой породы рассчитали 4 методами:

- 1) методом сравнения дочерей со сверстницами;
- 2) методом BLUP-1;
- 3) методом BLUP-2;
- 4) методом среднего селекционного индекса дочерей.

Различие BLUP-1 и BLUP-2 состоит в том, что при BLUP-1 число генетических групп большое (13), количество животных в них относительно малое; при BLUP-2 малые группы соединены с главными и число генетических групп уменьшено (3). При СС-тесте сравниваются данные 100 дочерей быка со сверстницами во всех племенных хозяйствах (в Эстонии применяется метод в модификации Р. Тейнберга и О. Савели (1989)). Метод селекционного индекса учитывает 7 признаков

(удой, процент жира и белка в молоке, количество молочного жира и белка, живую массу и скорость молокоотдачи). Индекс вычислен Р. Тейнбергом (1986).

Между оценками разных методов были вычислены коэффициенты ранговой корреляции по формуле (Stemmler и др., 1965)

$$r' = 1 - \frac{6(u_i - v_i)^2}{n(n^2 - 1)}, \quad (7)$$

где u_i, v_i — ранги, присвоенные быкам, n — число быков.

Коэффициенты ранговой корреляции между методами оценки генотипа быков-производителей

Признак	Метод оценки					
	СС—BLUP-1	СС—BLUP-2	СС—СИ	BLUP-1—BLUP-2	BLUP-1—СИ	BLUP-2—СИ
Удой	0,68	0,87	0,69	0,76	0,49	0,51
Кол-во молочного жира	0,70	0,85	0,92	0,78	0,66	0,76
% жира	0,74	0,91	0,42	0,83	0,30	0,36

Самая тесная корреляция по удою отмечена между методами СС и BLUP-2 ($r=0,87$) (таблица). По количеству молочного жира самая высокая корреляция между методами СС и СИ ($r=0,92$), а также между СС и BLUP-2 ($r=0,85$). По содержанию молочного жира совпадение рангов быков было наивысшее при методах СС и BLUP-2 ($r=0,91$), а также между BLUP-1 и BLUP-2 ($r=0,83$).

На основании результатов анализа корреляций между разными методами выявления генетической ценности быков-производителей можно сделать вывод, что методы СС и BLUP-2 следует рекомендовать для оценки быков на станциях искусственного осеменения. Некоторое расхождение в результатах оценок этими методами связано с тем, что при BLUP-2 сравнение быков происходит внутри одной генетической группы, при СС — между всеми быками.

ЛИТЕРАТУРА

- Кузнецов В. М., Егорова В. Н., Шестиперов А. А. Методические рекомендации по использованию метода BLUP для оценки племенной ценности быков-производителей. Л., 1987, 1—41.
- Тейнберг Р. Некоторые теоретические принципы и практические результаты оценки генетической ценности быков-производителей по потомству // Изв. АН ЭССР. Бюлл., 1986, 35, № 3, 181—188.
- Тейнберг Р., Савели О. Усовершенствованная система оценки быков-производителей // Вестн. с.-х. науки, 1989, № 3, 103—108.
- Brade, W. Aktuelle Methoden der Auswertung der Nachkommenprüfergebnisse für Vattertiere — genetische Grundlagen und Berechnungsmöglichkeiten // Arch. Tierzucht, 1984, 27, N 6, 491—511.
- Henderson, C. R. Estimation of changes in herd environment // J. Dairy Sci., 1949, 32, 706.
- Henderson, C. R. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling // Biometrics, 1959, 15, 192—218.
- Stemmler, R., Becher, H., Reichstein, G., Steglich, W. Statistische Methoden im Sport. Berlin, 1965, 159—160.

PULLIDE GENEETILISE VÄARTUSE HINDAMISE MEETODITE VÕRDLUS

Eesti mustakirjut tõugu 54 pulli geneetiline väärtus määrati nelja meetodiga: modifitseeritud eakaaslaste võrdluse meetod (CC-test), lineaarse prognoosi (BLUP) meetodi kaks modifikatsiooni (erinesid geneetiliste rühmade arvu poolest) ja selektsiooniindeksi (SI) meetod (selektsiooniindeksis arvestati seitset tunnust). Arvutati eri meetoditega saadud hindamistulemuste Spearmani rangkorrelatsioonikordaja. Uuriti kolme valikutunnust: piimatoodangu standardlaktatsioonil, piimarasvatoodang ja piima rasvasisaldus.

Piimatoodangu korral oli kõige suurem korrelatsioon CC-testi ja BLUP-2-meetodi vahel ($r=0,87$). Piimarasvatoodangu puhul oli CC-testi ja SI-meetodi vahel korrelatsioonikordaja 0,92. Piima rasvasisalduse osas oli korrelatsioonikordaja suurim CC-testi ja BLUP-2-meetodi vahel (0,91) ning suur BLUP-1 ja BLUP-2 vahel (0,83).

Praktikas kasutamiseks sobivad BLUP-2-meetod (rohkem geneetilisi rühmi) ja modifitseeritud CC-test.

RESULTS OF COMPARING DIFFERENT METHODS IN ESTIMATING THE GENETIC VALUE OF BULLS

Breeding value of 54 bulls of the Estonian Black-and-White breed was estimated by four methods: the modified contemporary comparison method (CC-test), two modifications of the best linear unbiased prediction (BLUP) that differed in the number of genetic groups of bulls, and the method of selection indexes (SI including seven characters). The Spearman's rank correlation coefficients of the estimation results obtained by using different methods were determined. Three selection characters were studied: lactation milk yield, the amount of milk fat and the fat per cent of milk.

As to the milk yield the closest correlation was established between the CC-test and the BLUP-2-method ($r=0.87$). The correlation of 0.92 of milk fat production was computed between the CC-test and the SI-method. The rank correlation for milk fat percentage was the closest between the CC-test and the BLUP-2-method (0.91), and between the BLUP-1 and BLUP-2 (0.83).

Comparatively lower correlations were estimated between the methods of BLUP-1 and SI and BLUP-2 and SI. It depends upon the fact that the BLUP-method includes only one characters at a time, while the SI-method includes several.

For the practical use we recommend the BLUP-2-method (more genetic groups) and the modified CC-test.