

Оригинальная статья / Original article

УДК:636.32/.38.082.2

DOI: 10.18470/1992-1098-2019-3-101-110

## Математические методы в племенной оценке мелкого рогатого скота

Константин А. Катков<sup>1</sup>, Лариса Н. Скорых<sup>1</sup> , Владимир С. Паштецкий<sup>2</sup>, Павел С. Остапчук<sup>2</sup>,  
Татьяна А. Куевда<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Северо-Кавказский Федеральный научный аграрный центр, Михайловск, Россия

<sup>2</sup>Научно-исследовательский институт сельского хозяйства Крыма, Симферополь, Россия

### Контактное лицо

Лариса Н. Скорых, отдел овцеводства Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства-филиала ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр»; 356241 Россия, Ставропольский край, г. Михайловск, ул. Никонова, 49.

Тел. +78652718155

Email [smu.sniizhk@yandex.ru](mailto:smu.sniizhk@yandex.ru)

ORCID <https://orcid.org/0000-0002-6090-4453>

**Формат цитирования:** Катков К.А., Скорых Л.Н., Паштецкий В.С., Остапчук П.С., Куевда Т.А. Математические методы в племенной оценке мелкого рогатого скота // Юг России: экология, развитие. 2019. Т.14, N3. С.101-110. DOI: 10.18470/1992-1098-2019-3-101-110

Получена 14 февраля 2019 г.

Прошла рецензирование 27 марта 2019 г.

Принята 15 апреля 2019 г.

### Резюме

**Цель.** Традиционно прогноз племенной оценки производителей мелкого рогатого скота по значениям хозяйственно полезных признаков их потомков ведется методами статистического анализа. В то же время существует метод прогнозирования на основе использования смешанной биометрической модели. Решение системы уравнений, которая описывает смешанную биометрическую модель, связано с определенными трудностями, обусловленными особенностью матрицы системы. Предлагается в прогнозе использовать интегрированные математические пакеты, где система уравнений решается несколькими способами с последующим анализом результатов. Представляет интерес сравнение оценок, полученных с использованием статистических методов, и оценок с помощью смешанной биометрической модели.

**Материал и методы.** Исходными данными являлись значения живой массы баранчиков цыгайской породы – потомков группы из 16 баранов-производителей, принадлежащих к восьми генетическим группам. Прогноз племенной оценки проводится с помощью статистических методов с использованием трех статистических тестов, а также с использованием смешанной биометрической модели.

**Результаты.** Установлено, что прогноз племенной оценки производителей с помощью смешанной биометрической модели существенно уточняет ранг каждого производителя в оцениваемой группе.

**Заключение.** Выявленное уточнение прогноза племенной ценности связано с учетом в смешанной модели эффектов генетических групп, к которым принадлежат производители, а также степенью родства между ними. Также, смешанная модель позволяет вычлени из общей оценки эффекты окружающей среды. Решение системы уравнений несколькими способами позволит повысить достоверность полученного прогноза.

### Ключевые слова

племенная оценка, смешанная биометрическая модель, статистический анализ, матрица превосходства, достоверность различий.

©2019 Авторы. Юг России: экология, развитие. Это статья открытого доступа в соответствии с условиями Creative Commons Attribution License, которая разрешает использование, распространение и воспроизведение на любом носителе при условии правильного цитирования оригинальной работы.

# Mathematical methods in the breeding evaluation of small horned ruminants

Konstantin A. Katkov<sup>1</sup>, Larisa N. Skorykh<sup>1</sup> , Vladimir S. Pashtetsky<sup>2</sup>, Pavel S. Ostapchuk<sup>2</sup> and Tatiana A. Kuevda<sup>2</sup>

<sup>1</sup>North Caucasus Federal Agricultural Research Centre, Mikhailovsk, Russia

<sup>2</sup>Crimea Research Institute of Agriculture, Simferopol, Russia

## Principal contact

Larisa N. Skorykh, Department of Sheep Breeding, All-Russian Scientific Research Institute of Sheep and Goat Breeding, North-Caucasus Federal Agricultural Research Centre; 49 Mikhailovsk St, Mikhailovsk, Russia 356241.

Tel. +78652718155

Email [smu.sniizhk@yandex.ru](mailto:smu.sniizhk@yandex.ru)

ORCID <https://orcid.org/0000-0002-6090-4453>

## How to cite this article

Katkov K.A., Skorykh L.N., Pashtetsky V.S., Ostapchuk P.S., Kuevda T.A. Mathematical methods in the breeding evaluation of small horned ruminants. *South of Russia: ecology, development*. 2019, vol. 14, no. 3, pp. 101-110. (In Russian) DOI: 10.18470/1992-1098-2019-3-101-110

Received 14 February 2019

Revised 27 March 2019

Accepted 15 April 2019

## Abstract

**Aim.** Traditionally, prediction of breeding values of male small horned ruminants (rams) by referring to levels of economically useful traits of their progeny is carried out by methods of statistical analysis. However, at the same time, there is a forecasting method based on the use of a mixed biometric model. The solution of the system of equations constituting a mixed biometric model is associated with certain difficulties caused by the peculiarity of the system matrix. It is proposed to use integrated mathematical packages in the forecast, by which the system of equations can be solved in several ways, followed by analysis of the results. The prediction of progeny values is carried out by statistical methods using three statistical tests, as well as with the use of a mixed biometric model. It is of interest to compare estimates obtained by using statistical methods with estimates using a mixed biometric model.

**Material and Methods.** The initial data set was the live weight of Qigai rams, the progeny of a group of sixteen rams belonging to eight genetic groups.

**Results.** It was found that the forecast of breeding values of each animal using a mixed biometric model substantially clarifies the rank of each animal in the group being evaluated.

**Conclusion.** The refinement of the estimation of breeding value is related to the effects of the genetic groups to which the animals belong in the mixed model, as well as the degree of relationship between them. Also the mixed model also allows one to isolate environmental effects from the overall assessment. Solving the system of equations in several ways will improve the reliability of the forecast.

## Key Words

tribal assessment, mixed biometric model, statistical analysis, matrix of excellence, significance of differences.

## ВВЕДЕНИЕ

В реализации современных селекционных программ особая роль отводится сохранению, генетическому совершенствованию, эффективному использованию отечественных племенных ресурсов сельскохозяйственных животных. Выявление животных с высокой генетической ценностью, их широкое использование в практической селекции значительно ускорит селекционный процесс, повысит его эффективность [1-5]. Одним из путей выявления таких животных является их оценка по значению хозяйственно полезных признаков их потомков [6; 7]. Поскольку численное поголовье мелкого рогатого скота достаточно велико, что делает такую работу весьма трудоемкой.

В основном, когда речь идет об оценке мелкого рогатого скота, используются статистические методы выявления достоверности различий между средними значениями хозяйственно полезных признаков потомков оцениваемой группы производителей. При этом данные методы не позволяют оценить влияние окружающей среды на качество оцениваемого хозяйственно полезного признака. Традиционный метод позволяет ранжировать по качеству потомства оцениваемую группу производителей, но только лишь в том случае, когда будет принята гипотеза о значимости различий между средними показателями хозяйственно полезных признаков потомков и если позволят рассчитанные доверительные интервалы. Насколько точна будет оценка животных при таком подходе, сказать затруднительно.

В то же время существуют математические методы племенной оценки, предполагающие использование смешанной биометрической модели [8; 9]. В рассматриваемых методах используются сложные матричные вычисления. При этом размерность матриц, используемых для составления математической модели, прямо пропорциональна количеству голов в исследуемой выборке животных, числу стад, по которым распределена вся совокупность потомков оцениваемой группы производителей, числу генетических групп, к которым принадлежат производители. В силу большой численности поголовья животных в овцеводческих и козоводческих хозяйствах такие методы прогнозирования, предполагающие сложные вычисления с матрицами большого объема, используются мало или не используются вообще.

Таким образом, существует некоторое противоречие. С одной стороны, необходимо иметь наиболее точный прогноз племенной оценки поголовья овец и коз, что невозможно сделать без использования современных методов математической обработки информации. С другой стороны, выполнить такую работу в хозяйствах «вручную» крайне затруднительно из-за необходимости обработки массивов большого объема. Несомненным помощником в решении задач подобного рода выступают современные информационные технологии. В настоящее время на рынке IT-услуг представлен достаточно широкий спектр специализированных математических программных пакетов, позволяющих обрабатывать большие массивы данных [9-12].

В силу особенности матрицы системы [8; 11; 12], используемой в смешанной биометрической модели,

решение системы уравнений напрямую, матричным методом, невозможно. Необходимо выбирать другие методы решения. При этом разные методы решения дают разные числовые значения корней уравнений, хотя качественно картина должна оставаться неизменной [8]. Тем не менее, опыт работы авторов подсказывает, что при разных методах решения системы уравнений может поменяться и качественная картина прогноза оценки племенной ценности животных. Выявленная закономерность связана с особенностями математической модели, используемой при таком методе оценки. Предлагается решать систему уравнений несколькими способами, как минимум тремя. После чего, сравнив результаты, выбрать те из них, оценки в которых совпадают. При этом определенный интерес представляет сравнительная характеристика оценок, полученных традиционным способом, с использованием статистических методов, и оценок, полученных с помощью смешанной биометрической модели. Сравнение таких оценок и рассмотрение особенностей применения смешанной биометрической модели является целью данной статьи.

## МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ

Научно-исследовательская работа проводилась на овцах цыгайской породы, разводимых в Республике Крым. Оценивалась группа из 16 баранов-производителей по качеству живой массы их потомков (баранчики). Производители были распределены на 8 генетических групп, в соответствии с общим предком. Значения живой массы баранчиков брались на момент их отбивки. Вся группа потомков имела численность 201 голова. Полученные потомки находились в одном стаде в аналогичных условиях кормления и содержания.

Были введены следующие обозначения. Оцениваемые бараны-производители:  $S_1, S_2, \dots, S_{16}$ . Генетические группы, к которым принадлежат производители:  $g_1, g_2, \dots, g_8$ .

Значения живой массы баранчиков, а также распределение производителей по генетическим группам представлены в таблице 1. В трех нижних строках представлены данные по количеству потомков в исследуемой выборке (табл. 1). В последней строке таблицы представлены данные по общему количеству потомков (201 голова) оцениваемой группы производителей.

Во второй строке снизу указано количество потомков, относящихся к каждой генетической группе их отцов. Так, бараны  $S_1$  и  $S_2$  принадлежат к первой генетической группе, у них 5 и 7 потомков соответственно. Следовательно, к первой генетической группе относятся 12 потомков, ко второй – 16 и т.д. К генетической группе  $g_4$  принадлежит только один производитель –  $S_7$ . К генетической группе  $g_5$  принадлежат три производителя:  $S_8, S_9$  и  $S_{10}$ . В остальных генетических группах по два производителя.

В третьей снизу строке представлено количество потомков каждого барана-производителя.

Генеалогические группы потомков формируются по принципу принадлежности к одному отцу. Коэффициент наследуемости живой массы для цыгайской породы овец принят равным  $h^2 = 0,45$ .

**Таблица 1.** Исходные данные  
**Table 1.** Primary data

		Генетические группы Genetic groups															
		g1		g2		g3		g4		g5		g6		g7		g8	
		Баран-производитель Rams															
		S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7	S8	S9	S10	S11	S12	S13	S14	S15	S16
Живая масса, кг / Live weight, kg		26	28	24	30	37	33	29	37	29	33	50	32	35	34	38	38
		32	31	40	35	30	31	27	38	25	43	45	31	33	45	41	35
		30	27	32	34	35	29	28	39	35	43	35	25	39	37	39	32
		34	32	34	39	34	39	38	35	41	40	45	37	38	40	38	39
		36	35	35	35	30	29	35	35	42	34	40	30	35	38	35	39
			38	36	43	33	36	38	29	36	34	32	40	31	36	37	35
			30		40	32	31	36	32	35	40	28	35	34	38	31	27
					41	40	33	34	27	40	37	33	32	28		27	35
					37	28	31	34	30	39	45		39	34		31	35
					31	42	31	35	36	42	40		36	33			36
						42	35	34	34	33	35		40	32			27
						34	36	32	30	36	36			35			33
						40		30	40		37			29			28
						42		36	40		36			32			27
								35	40		35			24			31
								34	32		40			37			36
								39	37		31			32			33
								35	27		35						
								30	33		24						
								33	40		31						
							30	27		37							
							36	31									
							37										
	5	7	6	10	14	12	23	22	12	21	8	11	17	7	9	17	
		12		16		26	23		55		19		24			26	
									201								

Среди оцениваемой группы баранов-производителей существуют родственные связи. Бараны S3 и S4 имеют общего отца. Также общего отца имеют бараны S5 и S6, а также производители S8 и S9. Следовательно, матрица родства A будет представлять собой матрицу размерностью [16 × 16]. На главной диагонали этой матрицы будут расположены единицы, а элементы A(3, 4) = A(4, 3) = A(5, 6) = A(6, 5) = A(8, 9) = A(9, 8) = 0,25 [5; 8]. Остальные элементы этой матрицы равны 0.

Последовательность действий при оценке животных следующая.

1. Статистическая обработка исходных данных.

2. Оценка достоверности различий между средними показателями ХПП во всех возможных парах генеалогических групп животных. Оценка проводится для уровня достоверности 95%. При возможности, проводится определение гарантированного минимума превосходства.

3. Прогноз племенной ценности с использованием смешанной биометрической модели.

На этапе статистической обработки исходных данных рассчитываются статистические показатели анализируемого хозяйственно полезного признака в каждой генеалогической группе. Затем проверяется нормальность распределения хозяйственно полезного признака в группе на основе анализа коэффициентов асимметрии и эксцесса [3; 4; 6]. На этом же этапе исключаются из дальнейшего анализа аномальные

измерения, не соответствующие правилу «трех сигм».

На втором этапе происходит проверка достоверности с помощью трех статистических тестов, описанных в [6; 7; 13-15]:

-сравнение разности средних с доверительной границей;

-проверка методом Стьюдента;

-проверка по критерию достоверности Фишера.

Гипотеза о достоверности различий принимается в том случае, если хотя бы один из перечисленных выше тестов свидетельствует о неслучайном характере различий между средними показателями хозяйственно полезного признака. Сравнение генеалогических групп проходит по принципу «каждый с каждым». Количество сравниваемых пар определяется выражением

$$K = \frac{N}{2}(N - 1), \quad (1)$$

где N – количество генеалогических групп (количество производителей).

В результате выполнения второго этапа строится матрица достоверности различий, матрица превосходства и гистограмма племенной оценки, где указывается рейтинг каждого производителя.

На третьем этапе строится смешанная биометрическая модель [5-7], которая имеет вид:

$$\begin{bmatrix} B' \cdot B & B' \cdot E \\ E' \cdot B & E' \cdot E + \lambda \cdot A^{-1} \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} B' \cdot T \\ E' \cdot T \end{bmatrix}, \quad (2)$$

где  $B$  и  $E$  – матрицы оцениваемых эффектов;  $T$  – вектор продуктивности потомков по уровню хозяйственно полезных признаков;  $\hat{\beta}$  – искомый вектор оценок стада и генетических групп;  $\hat{u}$  – искомый вектор оценок эффектов производителей;  $A$  – матрица родства производителей;  $\lambda$  – дисперсия случайных эффектов.

В силу особенности матрицы системы, система уравнений (2) решалась тремя различными способами:

- сокращением числа уравнений путем исключения одного уравнения для генетической группы;
- методом QR-разложения;
- методом Жордана-Гаусса.

Результатом решения системы (2) является вектор-столбец оценок  $UQ$ , содержащий оценки эффекта стада ( $\hat{h}$ ), оценки эффекта генетических групп ( $\hat{g}$ ) и оценки каждого барана-производителя ( $\hat{s}$ ). В рассматриваемом в данной работе примере размерность вектора  $UQ$  будет равна 25: одна оценка для эффекта стада, 8 оценок для генетических групп, 16 оценок для производителей.

Племенная ценность производителя  $BV_k$  определяется как удвоенная сумма оценки эффекта генетической группы и оценки производителя, принадлежащего к этой группе [5; 6]:

$$BV_k = 2 \left( \hat{g}_f + \hat{S}_{fk} \right), \quad (3)$$

Различия между оценками двух производителей  $\Delta R_{kk'}$  не зависят от способа решения системы уравнений и определяются выражением

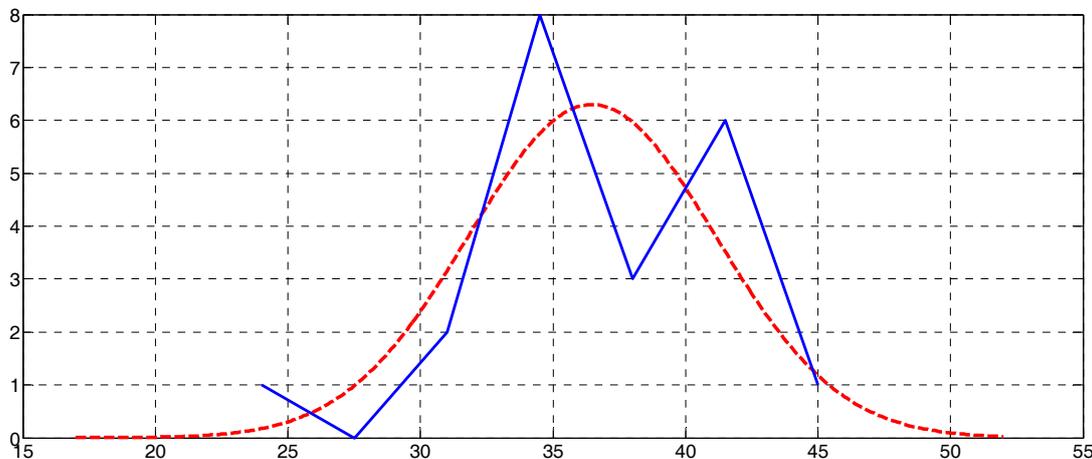
$$\Delta R_{kk'} = \left( \hat{g}_f + \hat{S}_{fk} \right) - \left( \hat{g}_{f'} + \hat{S}_{f'k'} \right), \quad (4)$$

В результате выполнения третьего этапа получают числовые оценки эффектов стада, эффектов генетических групп и эффектов каждого производителя. Строится матрица превосходства и гистограммы племенной оценки.

Для реализации описанной процедуры оценки в интегрированном математическом пакете MATLAB была создана программа, алгоритм которой позволяет выполнить все указанные действия и провести визуализацию данных.

**ПОЛУЧЕННЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ**

В результате статистической обработки исходных данных было установлено, что во всех генеалогических группах распределение живой массы потомков соответствует нормальному распределению. Для лучшей визуализации строится полигон распределения живой массы потомков в группе с наложением теоретической кривой нормального распределения. Пример такой визуализации приведен на рисунке 1. Двухвершинное распределение свидетельствует об отрицательном эксцессе (рис. 1). Аномальных измерений, выходящих за пределы «трех сигм», нет.



**Рисунок 1.** Полигон распределения живой массы потомков барана S10  
**Figure 1.** Polygon distributions of live weight of descendants from S10 ram

После анализа исходных данных была проведена проверка значимости различий средних значений хозяйственно полезных признаков потомков во всех возможных парах генеалогических групп. В используемом примере, при  $N = 16$ , количество сравниваемых пар равно  $K = 120$ .

В результате были получены: матрица достоверности различий  $D$  и матрица превосходства производителей друг над другом  $Y$ . Эти матрицы имеют размер-

ность  $[16 \times 16]$ . Номер строки и номер столбца соответствуют номеру оцениваемого производителя. Элемент матрицы, находящийся на пересечении строки  $m$  и столбца  $n$ , определяет значимость различий или превосходство между производителями  $S_m$  и  $S_n$ . В матрице  $D$  единица, стоящая на пересечении строки  $m$  и столбца  $n$ , свидетельствует о значимом характере различий между средними значениями хозяйственно полезных признаков потомков производителей  $S_m$  и  $S_n$ .

$$D = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Принцип формирования матрицы  $D$  может описать следующий пример. Если между средними значениями хозяйственно полезных признаков потомков производителей  $S1$  и  $S3$  наблюдается значимость различий, то элементы матрицы  $D(1, 3) = D(3, 1) = 1$ . Если различия случайны, то элементы  $D(1, 3) = D(3, 1) = 0$ . На главной диагонали матрицы  $D$  расположены нули.

На главной диагонали матрицы превосходства  $Y$  также располагаются нули, так как сам себя производитель не превосходит. Остальные элементы заполняются по следующему принципу.

Например, если различия между средними значениями производителей  $S4$  и  $S6$  не случайны и производитель  $S4$  имеет гарантированный минимум превосходства над производителем  $S6$  по живой массе потомков в размере  $0,285$  кг, то элемент матрицы превосходства  $D(4, 6) = 0,285$ , а элемент  $D(6, 4) = -0,285$ . Если разница доверительных интервалов не позволяет определить гарантированного минимума превосходства одного производителя над другим, то в соответствующих элементах матрицы представляются нули. В силу громоздкости этой матрицы в данной статье она не приведена.

Ранжирование производителей происходит следующим образом. Суммируются значения в строках матрицы  $Y$ . Для удобства последующего сравнения оценок, полученных разными способами, предлагается нормировать результаты. Для этого полученные в результате суммирования строк матрицы  $Y$  значения  $x_i$ , где  $i = 1 \dots N$ , нормируются в соответствии с выражением:

$$y_i(x) = \frac{x_i - x_{\min}}{x_{\max} - x_{\min}}, \tag{5}$$

где  $x_i$  – сумма значений элементов  $i$ -й строки матрицы  $Y$ ;  $N$  – количество производителей;  $x_{\min}$  и  $x_{\max}$  – минимальный и максимальный элементы выборки

$[x_1, x_2, \dots, x_N]$  соответственно.

Затем, по результатам рассчитанных значений  $y_i(x)$ , строится гистограмма, которая отображает нормированную оценку каждого производителя в соответствии с проведенной оценкой хозяйственно полезных признаков их потомков (рис. 2).

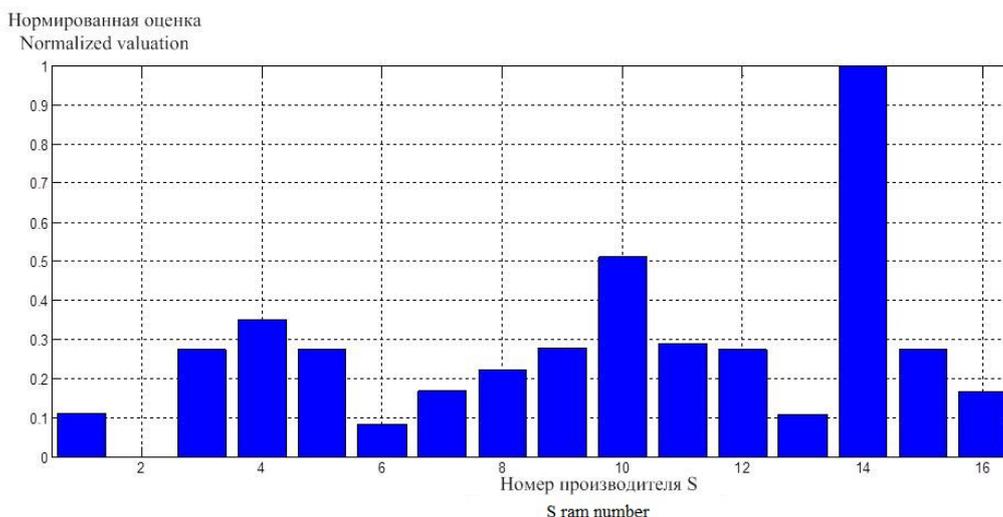
Данные, представленные на рисунке 2, утверждают, что наивысший рейтинг, как улучшателей породы, будет у производителей с номерами  $S14, S10, S4$ .

Следует отметить, что оценка значимости различий, проводимая по трем статистическим тестам, достаточно трудоемка, так как приходится «вручную»  $K$  раз вводить критерий Фишера для сравниваемых пар генетических групп после расчета их степеней свободы.

Теперь представим результаты оценки той же самой группы баранов-производителей, проведенной с использованием смешанной биометрической модели (2).

В ходе решения системы методом Жордана-Гаусса в интегрированном пакете MATLAB было получено предупреждение: «Warning: Matrix is close to singular or badly scaled. Results may be inaccurate. RCOND= 4.679171e-17». Таким сообщением система MATLAB предупреждает пользователя о возможном неточном решении системы уравнений (2).

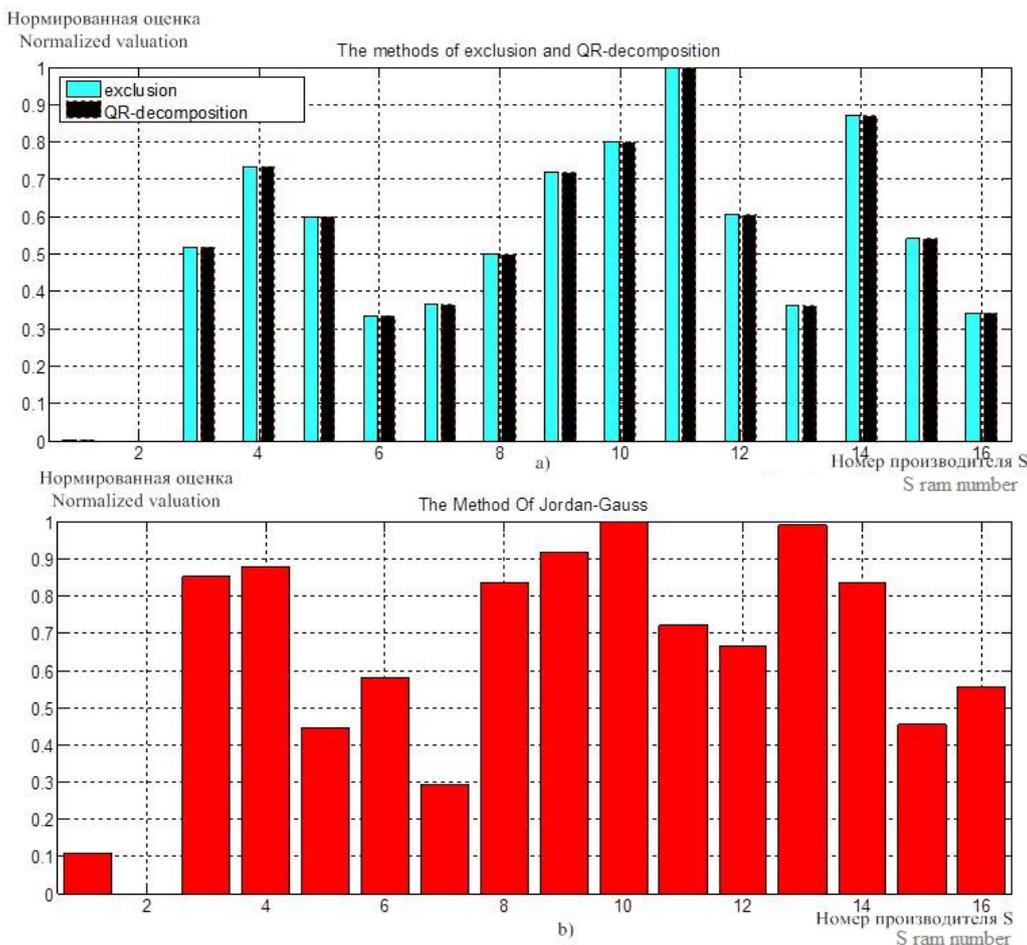
Племенная оценка (3) нормируется в соответствии с выражением (5) и выводится потребителю в виде гистограмм (рис. 3). Анализ гистограмм на рисунке 3 показывает, что метод исключения одного из уравнений и метод QR-разложения системы дают одинаковые результаты племенной оценки (рис. 3а). При этом оценки, полученные при решении системы уравнений методом Жордана-Гаусса (рис. 3б), отличаются от предыдущих двух. Выявленная закономерность связана с ошибками решения, о возможности которых, связанных с сингулярностью матрицы системы, было предупреждение MATLAB.



**Рисунок 2.** Нормированная оценка производителей статистическими методами  
**Figure 2.** Normalized evaluation of rams by statistical methods

Стоит отметить тот факт, что метод Жордана-Гаусса не всегда дает ошибку. Опыт работы авторов свидетельствует, что возможные ошибки решения системы уравнений зависят от состава и значения исходных данных. В ряде случаев были замечены ошибки в методе QR-разложения, в то время когда метод Жордана-Гаусса давал верное решение. Поэтому авторами в разработанной программе на языке MATLAB предлагается ре-

шать систему уравнений (2) тремя указанными выше способами, а затем, проанализировав результаты, выбрать в качестве верного тот, в котором выполняется правило совпадения результатов по принципу «не менее двух из трех». В данном случае такими методами будут являться метод исключения и метод QR-разложения (рис. 3а).



**Рисунок 3.** Нормированная оценка производителей смешанной биометрической моделью  
**Figure 3.** Normalized evaluation of rams by the mixed biometric model

Теперь сравним оценки, полученные при использовании только статистических методов, которые не учитывают влияние генетических групп и родства между производителями, и оценки, полученные с помощью смешанной биометрической модели. Ранжирование производителей для выявления улучшателей породы и нормированное значение их племенной оценки лучше представить в виде таблицы 2.

**Таблица 2.** Ранжирование баранов-производителей и нормированная оценка  
**Table 2.** Ranking of rams and normalized evaluation

Ранг барана Ranking of ram	Статистические методы Statistical approach		Метод исключения и метод QR-разложения Exclusion method and QR decomposition		Метод Жордана-Гаусса Gauss-Jordan Elimination Method	
	Баран Ram	Оценка Valuation	Баран Ram	Оценка Valuation	Баран Ram	Оценка Valuation
	1	S14	1	S11	1	S10
2	S10	0,511	S14	0,871	S13	0,991
3	S4	0,351	S10	0,801	S9	0,920
4	S11	0,290	S4	0,736	S4	0,880
5	S9	0,279	S9	0,719	S3	0,854
6	S15	0,274	S12	0,606	S8	0,837
7	S12	0,274	S5	0,601	S14	0,834
8	S5	0,274	S15	0,541	S11	0,722
9	S3	0,274	S3	0,520	S12	0,665
10	S8	0,222	S8	0,499	S6	0,582
11	S7	0,168	S7	0,365	S16	0,557
12	S16	0,167	S13	0,363	S15	0,456
13	S1	0,112	S16	0,342	S5	0,446
14	S13	0,109	S6	0,337	S7	0,292
15	S6	0,084	S1	0,002	S1	0,108
16	S2	0	S2	0	S2	0

В то же время необходимо отметить, что прогноз племенной оценки с помощью смешанной биометрической модели существенно дополняет данные статистического анализа. Так, статистический анализ свидетельствует, что лидером является производитель S14, который на 49% опережает ближайшего к нему по рейтингу производителя S10 и на 71% производителя S11. Данный анализ не учитывает влияние генетических групп, к которым принадлежит производитель.

Прогноз племенной ценности с помощью смешанной биометрической модели выводит в «лидеры» производителя S11, который, с учетом влияния эффекта генетической группы, на 13% превосходит производителя S14. Числовые значения нормированной оценки из таблицы 2 позволяют также уточнить значимость или случайность различий по уровню достоверности. Разница в оценке, равная 0,05, соответствует уровню достоверности 95%, разница 0,01 – уровню достоверности 99%.

В рассматриваемом нами примере все потомки оцениваемой группы производителей находятся в одном стаде и одинаковых условиях кормления и содержания, поэтому оценка эффекта окружающей среды в данном случае является аддитивным коэффициентом и не заслуживает отдельного рассмотрения. В то же время следует отметить, что когда потомки распределены по нескольким стадам, то необходимость вычленения эффекта стада (эффекта окружающей среды) является актуальной задачей. Не оставляет сомнений то, что условия содержания и окружающая среда могут оказывать большое влияние

Результаты, полученные с помощью решения системы методом Жордана-Гаусса, примем как ошибочные и из дальнейшего анализа исключим.

Данные в таблице 2 показывают, что в целом состав улучшателей породы, определенный статистическими методами и с помощью смешанной биометрической модели, совпадают. Это производители с номерами S11, S14, S10, S4.

на прогноз племенной оценки животного. Если возникнет необходимость провести прогнозирование с учетом дальнейшего влияния имеющейся окружающей среды, когда условия содержания не планируются к изменению, то необходимо учитывать то обстоятельство, что в различных стадах содержится разное количество потомков одного и того же производителя. В данном случае необходимо учесть это количество. Тогда выражение (3) для оценки племенной ценности с учетом влияния стада примет вид:

$$BV_k^C = 2 \left( \hat{g}_f + \hat{S}_{fk} + \sum_{i=1}^w u_i^k \cdot \hat{h}_i \right), \quad (6)$$

где  $BV_k^C$  – племенная оценка с учетом влияния стада;  $\hat{g}_f$  – оценка эффекта  $f$ -й генетической группы;  $\hat{S}_{fk}$  – оценка эффекта  $k$ -го производителя, принадлежащего к  $f$ -й генетической группе;  $\hat{h}_i$  – оценка эффекта  $i$ -го стада;  $i = 1 \dots w$  – номер стада;  $k$  – номер оцениваемого производителя;  $u_i^k$  – доля потомков  $k$ -го производителя в  $i$ -м стаде, определяемая, как

$$u_i^k = M_i^k / M_k, \quad (7)$$

где  $M_i^k$  – количество потомков  $k$ -го производителя в  $i$ -м стаде;  $M_k$  – общее число потомков  $k$ -го производителя.

Различия между оценками двух производителей  $k$  и  $k'$ , учитывающие влияние стада  $\Delta R_{kk'}^C$ , с учетом (6), определяются выражением

$$\Delta R_{kk}^C = \left( \hat{g}_f + \hat{S}_{fk} + \sum_{i=1}^w u_i^k \cdot \hat{h}_i \right) - \left( \hat{g}_{f'} + \hat{S}_{f'k} + \sum_{i'=1}^{w'} u_{i'}^k \cdot \hat{h}_{i'} \right), \quad (8)$$

Таким образом, использование выражений (6) и (8) позволит провести прогноз племенной оценки, учитывающий влияние окружающей среды и условий содержания животных.

#### ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Проведенное исследование свидетельствует, что использование смешанной биометрической модели существенно уточняет прогноз племенной оценки производителей мелкого рогатого скота, проведенный с помощью только статистического анализа средних значений хозяйственно полезных признаков потомков. Это достигается учетом эффектов генетических групп, к которым принадлежит производитель, а также степенью родства между ними. Кроме того, смешанная модель позволяет исключить из общей оценки эффекты окружающей среды.

Матрица системы (2) является особенной, то есть не имеет обратной матрицы. Поэтому решение системы уравнений напрямую матричным методом невозможно. Поскольку сингулярность матрицы может привести к ошибкам, то авторы рекомендуют решать систему уравнений тремя различными способами. Полученные результаты решения необходимо проанализировать. Критерием выбора являются: согласованность с результатами статистического анализа, совпадение результатов по принципу «два из трех».

Следует учитывать, что применение смешанной биометрической модели требует особого внимания к качеству сбора и структурирования исходных данных. Так как применение данного метода для прогноза племенной оценки мелкого рогатого скота предполагает обработку больших двумерных массивов, то необходимо использование специализированных математических пакетов. Авторами рекомендуется интегрированный пакет MATLAB, предназначенный специально для проведения матричных операций.

#### БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

- Deniskova T.E., Dotsev A.V., Traspov A.A., Brem G., Zinovieva N.A., Selionova M.I., Kunz E., Medugorac I., Reyer H., Wimmers K., Barbato M. Population structure and genetic diversity of 25 russian sheep breeds based on whole-genome genotyping // *Genetics, Selection, Evolution*. 2018. V. 50. N 1. P. 29-34. Doi: 10.1186/s12711-018-0399-5
- Селионова М.И., Бобрышова Г.Т. Овцеводство Ставропольского края, настоящее и будущее // *Овцы, козы, шерстяное дело*. 2016. N 1. С. 4-7.
- Trukhachev V.I., Skripkin V.S., Yatsyk O., Krivoruchko A., Selionova M.I. The polymorphism of REM-1 gene in sheep genome and its influence on some parameters of meat productivity // *Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences*. 2016. V. 7. N 3. P. 2351-2357.
- Ostapchuk P.S., Yemelianov S.A., Skorykh L.N., Konik N.V., Kolotova N.A. Model of tsigai breed' meat quality improvement in pure breeding // *Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences*. 2018. V. 9. N 3. P. 756-764.
- Skorykh L.N., Kopylov I.A., Efimova N.I., Starodubtseva G.P., Khainovsky V.I. Immunogenetic markers in selection of sheep // *Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences*. 2017. V. 8. N 6. P. 529-534.
- Лакин Г.Ф. Биометрия. М.: Высшая школа, 1990. 350

с.

- Плохинский Н.А. Биометрия. 2-е издание. М.: Издательство МГУ, 1970. 367 с.
- Кузнецов В.М. Методы племенной оценки животных с введением в теорию BLUP. Киров: Зональный НИИСХ Северо-Востока, 2003. 358 с.
- Катков К.А., Бобрышов С.С., Скорых Л.Н., Копылов В.Н., Афанасьев М.А. Оценка племенной ценности баранов-производителей методом BLUP // *Главный зоотехник*. 2018. N 5. С. 25-32.
- Katkov K., Skorykh L.N., Pashtetsky V.S., Pashtetsky A.V., Ostapchuk P.S. Mathematical prediction of breeding value in sheep // *Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences*. 2018. V. 9. N 6. P. 1645-1649.
- Косова Е.Н., Катков К.А., Вельц О.В., Плетухина А.А., Серветник О.Л., Хвостова И.П. Компьютерные технологии в научных исследованиях. Учебное пособие. Ставрополь: Издательство СКФУ, 2015. 241 с.
- Катков К.А., Хвостова И.П., Лебедев В.И., Косова Е.Н., Плетухина А.А., Серветник О.Л., Вельц О.В., Крамаренко М.Г. Основы компьютерного моделирования. Ставрополь: Издательство СКФУ, 2013. 220 с.
- Катков К.А., Бобрышова Г.Т., Скорых Л.Н., Копылова О.С., Афанасьев М.А. Алгоритм проверки статистической значимости различий хозяйственно полезных признаков между различными генеалогическими группами животных // *Вестник АПК Ставрополя*. 2018. N 2(30). С. 86-90. Doi: 10.31279/2222-9345-2018-7-30-86-90
- Данко П.Е., Попов А.Г., Кожевникова Т.Я. Высшая математика в упражнениях и задачах. В 2-х ч. Ч. II: Учеб. пособие для вузов. М.: Высшая школа, 1999. 416 с.
- Румшинский Л.З. Математическая обработка результатов эксперимента. Справочное руководство. М.: Главная редакция физико-математической литературы изд-ва «Наука», 1971. 192 с.

#### REFERENCES

- Deniskova T.E., Dotsev A.V., Selionova M.I., Kunz E., Medugorac I., Reyer H., Wimmers K., Barbato M., Traspov A.A., Brem G., Zinovieva N.A. Population structure and genetic diversity of 25 russian sheep breeds based on whole-genome genotyping. *Genetics, Selection, Evolution*, 2018, vol. 50, no. 1, pp. 29-34. Doi: 10.1186/s12711-018-0399-5
- Selionova M.I., Bobryshova G.T. Sheep breeding of the Stavropol Territory, the present and the future. *Ovtsy, kozy, sherstyanoe delo [Sheep, goats, wool business]*. 2016, no. 1, pp. 4-7. (In Russian)
- Trukhachev V.I., Skripkin V.S., Yatsyk O., Krivoruchko A., Selionova M.I. The polymorphism of REM-1 gene in sheep genome and its influence on some parameters of meat productivity. *Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences*. 2016, vol. 7, no. 3, pp. 2351-2357.
- Ostapchuk P.S., Yemelianov S.A., Skorykh L.N., Konik N.V., Kolotova N.A. Model of tsigai breed' meat quality improvement in pure breeding. *Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences*. 2018, vol. 9, no. 3, pp. 756-764.
- Skorykh L.N., Kopylov I.A., Efimova N.I., Starodubtseva G.P., Khainovsky V.I. Immunogenetic markers in selection of sheep. *Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences*. 2017, vol. 8, no. 6, pp. 529-534.
- Lakin G.F. *Biometriya [Biometrics]*. Moscow, Vysshaya shkola Publ., 1990, 350 p. (In Russian)
- Plokhinsky N.A. *Biometriya [Biometrics]*. Moscow, MSU Publ., 1970, 2-nd ed., 367 p. (In Russian)

8. Kuznetsov V.M. *Metody plemennoi otsenki zivotnykh s vvedeniem v teoriyu BLUP* [Methods of breeding evaluation of animals with an introduction to BLUP theory]. Kirov, Zonal research Institute of Agriculture of North-East Publ., 2003, 358 p. (In Russian)
9. Katkov K., Bobryshov S., Skorykh L., Kopylov V., Afanasyev M. Evaluation of breeding value of stud rams by the method of BLUP. *Glavnyi zootekhnik* [Chief livestock specialist]. 2018, no. 5, pp. 25-32. (In Russian)
10. Katkov K., Skorykh L.N., Pashtetsky V.S., Pashtetsky A.V., Ostapchuk P.S. Mathematical prediction of breeding value in sheep. *Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences*. 2018, vol. 9, no. 6, pp. 1645-1649.
11. Kosova E.N., Katkov K.A., Velts O.V., Pletuhina A.A., Servetnik O.L., Hvostova I.P. *Komputernie tehnologii v nauchnih issledovaniyah* [Computer technologies in scientific research]. Stavropol, NCFU Publ., 2015, 241 p. (In Russian)
12. Katkov K.A., Khvostova I.P., Lebedev V.I., Kosova E.N., Pletuhina A.A., Servetnik O.L., Velts O.V., Kramarenko M.G. *Osnovi komputernogo modelirovaniya* [Fundamentals of computer modeling]. Stavropol, NCFU Publ., 2013, 220 p. (In Russian)
13. Katkov K.A., Bobryshova G.T., Skorykh L.N., Kopylova O. S., Afanasyev M.A. An algorithm to test the statistical significance of differences in economically useful traits between various genealogical groups of animals. *Agricultural Bulletin of Stavropol Region*, 2018, no. 2(30), pp. 86-90. (In Russian) Doi: 10.31279/2222-9345-2018-7-30-86-90
14. Danko P.E., Popov A.G., Kozhevnikova T.Y. *Vishaya matematika v uprazhneniyah I zadachah* [Higher mathematics in exercises and tasks. In 2-nd parts. P. II: Textbook for high schools]. Moscow, Vysshaya shkola Publ., 1999, 416 p.
15. Rumishinsky L.Z. *Matematicheskaya obrabotka rezul'tatov experimenta. Spravochnoe posobie* [Mathematical processing of experimental results. Reference guide]. Moscow, Nauka Publ., 1971, 192 p. (In Russian)

**КРИТЕРИИ АВТОРСТВА**

Все авторы в разной степени участвовали в написании статьи и несут ответственность за плагиат, самоплагиат.

**КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ**

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

**AUTHOR CONTRIBUTIONS**

All authors are equally responsible for plagiarism and self-plagiarism and other ethical transgressions.

**NO CONFLICT OF INTEREST DECLARATION**

The authors state that there is no conflict of interest.