

УДК 636.22/.28.088.1

## BLUP ANIMAL MODEL ДЛЯ ПЛЕМЕННОЙ ОЦЕНКИ СВИНЕЙ: БАЗОВАЯ МОДЕЛЬ

В.М. Кузнецов

Зональный НИИСХ Северо-Востока, Киров

В начале 80-х годов прошедшего столетия в научных журналах появились публикации, в которых рассматривались и обсуждались вопросы методологии вычислений, стратегии программирования и эффективности практического применения для прогноза генотипа статистических линейных моделей смешанного типа, включающих аддитивный генетический эффект *животного* – так называемых «Animal Model» - «модель животного» (в дальнейшем **АМ**). Основные положения теории **АМ** были разработаны Хендерсоном еще в 50-х годах. Однако практическое применение **АМ** было долгое время невозможным из-за ограниченной мощности вычислительной техники. Совершенствование компьютеров и развитие методологии наилучшего линейного несмещенного прогноза (Best Linear Unbiased Prediction, **BLUP**) устранили это препятствие.

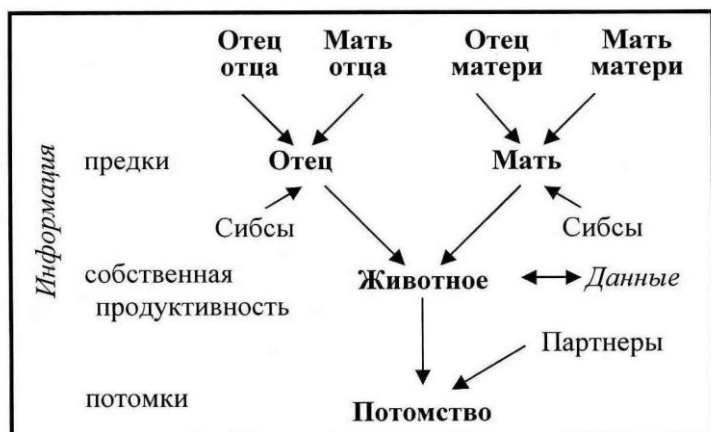


Рис. Информация, используемая в Animal Model

го и данные потомства (см. рис.), при *корректной* корректировке каждой записи по животному на систематические эффекты среды.

**АМ** - это развитие **BLUP Sire Model** (модель отца, **SM**). Как и по **BLUP SM**, **EBV** животного, рассчитанная по **АМ**, является наилучшим линейным несмещенным прогнозом его аддитивного генотипа. Поэтому в литературе используется также словосочетание «**BLUP under the Animal Model**» - **BLUP** по модели животного (в дальнейшем **BLUP AM**).

**Генетическая модель.** Каждое животное имеет двух родителей; многие животные имеют потомство. В **BLUP AM** учитываются все родственные связи между животными. **BLUP AM** прогнозирует генетическую ценность исходя из собственной продуктивности животного, продуктивности всех предков и потомства. Основная задача **BLUP AM** - максимально

**АМ** - это метод прогноза генотипа или оценки племенной ценности (Estimated Breeding Value, **EBV**), в котором каждое животное является основой для вычислений. В **АМ** эффекты среды и **EBV** самцов и самок оцениваются *одновременно*. **EBV** по **АМ** включает три источника информации: данные по предкам, собственные показатели животного и данные потомства (см. рис.), при *корректной* корректировке каждой записи по животному на систематические эффекты среды.

использовать информацию об известных родственниках животного. В BLUP AM, 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. Дочери, сыновья и родители имеют большее значение для оценки животного, чем дедушки, двоюродные братья и сестры, другие более отдаленные родственники.

Особенностью BLUP AM является то, что в этом методе непосредственно или косвенно используется матрица генетического родства ( $A$ ) между животными, диагональные элементы которой равны  $1+F_i$  (где  $F_i$  - это коэффициент инбридинга  $i$ -го животного). Недиагональные элементы - числителю коэффициента родства Райта:  $\sum [0,5^n (1+F_a)]$  (где  $n$  - число путей, связывающих животных  $i$  и  $k$  через общего предка;  $F_a$  - коэффициент инбридинга общего предка). Если умножить матрицу  $A$  на аддитивную генетическую вариацию,  $\sigma_a^2$ , то произведение  $A\sigma_a^2$  будет описывать вариационно-ковариационную структуру аддитивных генетических ценностей оцениваемых животных.

В популяциях животных генотипические средние и дисперсии редко бывают стабильными. В частности, в закрытой или малочисленной популяции инбридинг накапливается с каждым поколением (как генетический дрейф) и влияет на генотипическую среднюю и дисперсию. Последние могут изменяться также под влиянием отбора. Это происходит за счет изменения частоты (концентрации) генов и образования коварианс между генотипическими значениями различных локусов. Использование в BLUP AM матрицы родства позволяет учитывать флуктуацию этих параметров.

Генетическую модель  $i$ -го животного,  $A_i$ , можно записать так:

$$A_i = 0,5A_{\text{sire}} + 0,5A_{\text{dam}} + RA_i,$$

где:  $A_{\text{sire}}$  - аддитивная генетическая ценность отца  $i$ -го животного;  $A_{\text{dam}}$  - аддитивная генетическая ценность матери  $i$ -го животного;  $0,5$  - регрессия  $A_i$  на  $A_{\text{sire}}$  или  $A_{\text{dam}}$ ;  $RA_i$  - случайные отклонения, связанные с менделевской выборочностью родительских генотипов в процессе гаметогенеза; результатом этого процесса является вариация между особями, в том числе и между потомками от одних и тех же родителей.

Гаметы, с которыми гены передаются следующему поколению, несут некоторую выборку генов родительского поколения. Если выборка небольшая, то частота генов будет флуктуировать от одного поколения к другому. Это случайное изменение частоты генов представляет собой стохастический процесс, характерный для *менделевской выборки*. Элементы менделевской выборки имеют ожидаемое значение среднего  $0$  и дисперсию  $0,5(1-F)\sigma_a^2$ , где  $F$  - это средний коэффициент инбридинга родителей животных. Отбор влияет на распределение  $A_{\text{sire}}$  и  $A_{\text{dam}}$ , но не на  $RA_i$ . Если число локусов достаточно велико, то  $RA_i$  не зависит от генетической цен-

ности родителей. Если у какого-либо животного родитель неизвестен или не включен в матрицу родства, то половина его племенной ценности входит в  $RA_i$ , и распределение  $RA_i$  отражает элемент менделевской выборки плюс вклад неизвестного родителя. Если неизвестные родители не отображены, то дисперсия  $RA_i$  будет равна  $\sigma_a^2$ , когда неизвестны оба родителя, или  $(0,75-0,25F_p)\sigma_a^2$ , когда неизвестен только один из родителей ( $F_p$  - коэффициент инбридинга известного родителя). При этом допускается, что неизвестные родители являются неинбридными.

Генетическая модель может включать животных предыдущих поколений. Например,  $A_i$  может быть выражена как функция генетической ценности прадедушек по отцовской и материнской сторонам родословной плюс элементы менделевской выборки:

$$A_i = 0,25A_{ss} + 0,25A_{ds} + 0,25A_{sd} + 0,25A_{dd} + \\ + 0,5RA_{sire} + 0,5RA_{dam} + RA_i,$$

где: субиндексы ss, ds, sd и dd идентифицируют аддитивную генетическую ценность дедушек и бабушек по отцовской и материнской сторонам родословной соответственно (отцы хряков, матери хряков, отцы свиноматок, матери свиноматок).

На элементы менделевской выборки, как и ранее, отбор в предыдущем поколении не оказывает влияния и они независимы от генетической ценности предков. Этот процесс может быть расширен до нескольких групп предков или до концептуальной базовой популяции предположительно неродственных животных с неизвестными или неопределенными родителями.

**Базовая модель.** Определим простую статистическую модель животного для одного признака (например, привеса) с одной регистрацией (записью) этого признака:

$$y_{ij} = \mu + h_i + a_{ij} + e_{ij},$$

где  $y_{ij}$  - привес  $j$ -го животного в  $i$ -ом хозяйстве;  $\mu$  - среднее по популяции;  $h_i$  - фиксированный эффект  $i$ -го хозяйства;  $a_{ij}$  - аддитивный генетический эффект животного (рандомизированный);  $e_{ij}$  - эффект неучтенных в модели факторов (рандомизированный).

Предположим, что эффекты  $a_{ij}$  имеют нормальное распределение с дисперсией  $\text{Var}(a) = G$ , где  $G$  - это матрица аддитивных генетических дисперсий и ковариаций между отдельными животными:

$$G = \sigma_a^2 A,$$

где  $A$  - матрица родства и  $\sigma_a^2 = h^2 \sigma_y^2$  - аддитивная генетическая дисперсия ( $h^2$  - коэффициент наследуемости;  $\sigma_y^2$  - фенотипическая дисперсия).

Общим для всех BLUP AM является то, что все они используют матрицу родства,  $A$ , или ее инверсию,  $A^{-1}$ . Диагональными элементами матрицы  $A$  являются  $a_{jj}=1+F_j$ , недиагональными -  $a_{jj'}=R_{jj'}$  (где  $F_j$  - коэффициент инбридинга  $j$ -ой особи;  $R_{jj'}$  - нумератор коэффициента родства Райта между  $j$ -ым и  $j'$ -ым животными). При этом допускается, что «базовые» животные являются неродственными. Использование в BLUP AM матрицы родства позволяет объяснить изменения в аддитивной генетической вариации, обусловленные инбридингом и селекцией. Поэтому, если учтены все взаимосвязи между животными, то EBV будут несмещенными.

В матричной записи уравнение BLUP AM имеет вид:

$$y = Xh + Za + e,$$

где  $y$  - вектор наблюдаемой зависимой переменной (привес);  $h$  - вектор фиксированных ненаблюдаемых эффектов («хозяйство», или «год-опорос», или «хозяйство-год-опорос»);  $a$  - вектор рандомизированных ненаблюдаемых генетических эффектов животных (аддитивный генотип);  $e$  - вектор случайных ненаблюдаемых остаточных (неучтенных) эффектов;  $X$  и  $Z$  - матрицы плана, относящиеся к оцениваемым эффектам.

Известными вариансами являются ( $\sigma_e^2$  - остаточная вариация):

$$\begin{aligned} \text{Var}(a) &= \sigma_a^2 A = G; \\ \text{Var}(e) &= \sigma_e^2 I = R. \end{aligned}$$

Уравнения смешанной модели (Mixed Model Equations, **ММЕ**) для вычисления оценок  $\hat{h}$  и  $\hat{a}$  имеют вид:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{h} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}.$$

или, если использовать равенства  $G = \sigma_a^2 A$  и  $R = \sigma_e^2 I$ ,

$$\begin{bmatrix} X'X \left(\frac{1}{\sigma_e^2}\right) & X'Z \left(\frac{1}{\sigma_e^2}\right) \\ Z'X \left(\frac{1}{\sigma_e^2}\right) & Z'Z \left(\frac{1}{\sigma_e^2}\right) + A^{-1} \left(\frac{1}{\sigma_e^2}\right) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{h} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \left(\frac{1}{\sigma_e^2}\right) \\ Z'y \left(\frac{1}{\sigma_e^2}\right) \end{bmatrix}.$$

После умножения обеих сторон ММЕ на  $\sigma_e^2$  имеем:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + \gamma A^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{h} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix},$$

$$\text{где } \gamma = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1-h^2}{h^2}.$$

Решение для  $\hat{h}$  и  $\hat{a}$  :

$$\begin{bmatrix} \hat{h} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + \gamma A^{-1} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}.$$

Пусть

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + \gamma A^{-1} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} \\ C_{21} & C_{22} \end{bmatrix}.$$

Тогда варианты EBV животных, **PEV** (Prediction Error Variance), можно рассчитать из уравнения

$$PEV = \text{Var}(\hat{a} - a) = C_{22} \sigma_e^2,$$

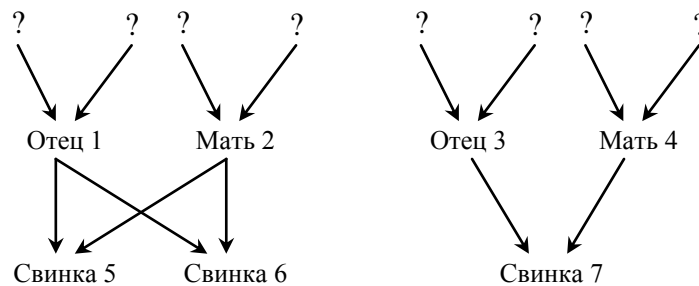
а стандартные ошибки, **SEP** (Standard Error Prediction), из

$$SEP = \sqrt{\text{Var}(\hat{a} - a)} = \sigma_e \sqrt{C_{22}}.$$

Достоверность (Reliability, **REL**) или повторяемость EBV есть:

$$REL = \text{Corr}^2(\hat{a}, a) = 1 - \frac{\text{Var}(\hat{a} - a)}{\text{Var}(a)}.$$

**Числовой пример.** Пусть имеются животные



со следующими данными:

Животное	Хозяйство	Пол	Отец	Мать	Привес
1	-	М	-	-	-
2	1	F	-	-	11
3	-	М	-	-	-
4	2	F	-	-	7
5	1	F	1	2	10
6	2	F	1	2	9
7	2	F	3	4	8

Скалярная форма статистической модели BLUP AM:

$$y_{ij} = h_i + a_j + e_{ij},$$

где  $y_{ij}$  - привес  $j$ -го животного в  $i$ -ом хозяйстве;  $h_i$  - фиксированный эффект  $i$ -го хозяйства (или «хозяйства-года-опороса», или «года-опороса», или иного паратипиче-

ского фактора), *включающий*  $\mu$ ;  $a_{ij}$  - аддитивный генетический эффект  $j$ -го животного в  $i$ -ом хозяйстве (рандомизированный);  $e_{ij}$  - эффект неучтенных в модели факторов (рандомизированный).

В матричной записи:

$$y = Xh + Za + e,$$

$$\begin{bmatrix} 0 \\ 11 \\ 0 \\ 7 \\ 10 \\ 9 \\ 8 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 1 & 0 \\ 0 & 0 \\ 0 & 1 \\ 1 & 0 \\ 0 & 1 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} h_1 \\ h_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ a_5 \\ a_6 \\ a_7 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \\ e_5 \\ e_6 \\ e_7 \end{bmatrix}.$$

$$y = X \quad h \quad + \quad Z \quad a \quad + \quad e$$

Уравнения смешанной модели, ММЕ:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + \gamma A^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{h} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}.$$

При  $h^2=0,5$  и допуская, что животные 1, 2, 3, 4 неродственны и неинбредны

$$\gamma = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1-h^2}{h^2} = 1.$$

Численные значения субматриц и субвекторов, составляющих ММЕ:

$$X'X = \begin{bmatrix} 2 & 0 \\ 0 & 3 \end{bmatrix} \quad X'Z = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 \end{bmatrix};$$

$$Z'X = \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 1 & 0 \\ 0 & 0 \\ 0 & 1 \\ 1 & 0 \\ 0 & 1 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} \quad Z'Z = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}; \quad X'y = \begin{bmatrix} 21 \\ 24 \end{bmatrix} \quad Z'y = \begin{bmatrix} 0 \\ 11 \\ 0 \\ 7 \\ 10 \\ 9 \\ 8 \end{bmatrix}.$$

Субматрица  $X'X$  описывает распределение животных с привесами по хозяйствам,  $X'Z, Z'X$  - распределение животных в пределах хозяйства,  $Z'Z$  - число записей на животное. В субвекторе  $X'y$  даны суммы привесов по всем животным в каждом из хозяйств, а в субвекторе  $Z'y$  - привесы по каждому животному.

Матрица родства и ее инверсия:

$$A = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & .5 & .5 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & .5 & .5 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & .5 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & .5 \\ .5 & .5 & 0 & 0 & 1 & .5 & 0 \\ .5 & .5 & 0 & 0 & .5 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & .5 & .5 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}, \quad A^{-1} = \begin{bmatrix} 2 & 1 & 0 & 0 & -1 & -1 & 0 \\ 1 & 2 & 0 & 0 & -1 & -1 & 0 \\ 0 & 0 & 1.5 & .5 & 0 & 0 & -1 \\ 0 & 0 & .5 & 1.5 & 0 & 0 & -1 \\ -1 & -1 & 0 & 0 & 2 & 0 & 0 \\ -1 & -1 & 0 & 0 & 0 & 2 & 0 \\ 0 & 0 & -1 & -1 & 0 & 0 & 2 \end{bmatrix}.$$

Ниже все субматрицы и субвекторы сведены в систему ММЕ (отметим, что  $\gamma=1$ ).

$$\begin{bmatrix} 2 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 3 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 \\ \hline 0 & 0 & 2 & 1 & 0 & 0 & -1 & -1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 3 & 0 & 0 & -1 & -1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1.5 & .5 & 0 & 0 & -1 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & .5 & 2.5 & 0 & 0 & -1 \\ 1 & 0 & -1 & -1 & 0 & 0 & 3 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & -1 & -1 & 0 & 0 & 0 & 3 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & -1 & -1 & 0 & 0 & 3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{h}_1 \\ \hat{h}_2 \\ \hat{a}_1 \\ \hat{a}_2 \\ \hat{a}_3 \\ \hat{a}_4 \\ \hat{a}_5 \\ \hat{a}_6 \\ \hat{a}_7 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 21 \\ 24 \\ 0 \\ 11 \\ 0 \\ 7 \\ 10 \\ 9 \\ 8 \end{bmatrix}.$$

После обращения итоговой матрицы получим систему уравнений

$$\begin{bmatrix} \hat{h}_1 \\ \hat{h}_2 \\ \hat{a}_1 \\ \hat{a}_2 \\ \hat{a}_3 \\ \hat{a}_4 \\ \hat{a}_5 \\ \hat{a}_6 \\ \hat{a}_7 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1.173 & .192 & -.173 & -.673 & -.038 & -.115 & -.673 & -.346 & -.115 \\ .192 & .769 & -.192 & -.192 & -.154 & -.462 & -.192 & -.385 & -.462 \\ \hline -.173 & -.192 & .840 & .006 & .038 & .115 & .340 & .346 & .115 \\ -.673 & -.192 & .006 & .840 & .038 & .115 & .506 & .346 & .115 \\ -.038 & -.154 & .038 & .038 & .897 & .026 & .038 & .077 & .359 \\ -.115 & -.462 & .115 & .115 & .026 & .744 & .115 & .231 & .410 \\ -.673 & -.192 & .340 & .506 & .038 & .115 & .840 & .346 & .115 \\ -.346 & -.385 & .346 & .346 & .077 & .231 & .346 & .692 & .231 \\ -.115 & -.462 & .115 & .115 & .359 & .410 & .115 & .231 & .744 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 21 \\ 24 \\ 0 \\ 11 \\ 0 \\ 7 \\ 10 \\ 9 \\ 8 \end{bmatrix},$$

решение которой дает оценки неизвестных параметров модели: наилучшие линейные несмещенные оценки (BLUE) для фиксированного фактора ( $\hat{h}$ ) и наилучший линейный несмещенный прогноз (BLUP) для рандомизированного фактора ( $\hat{a}$ ):

$$\begin{bmatrix} \hat{h}_1 \\ \hat{h}_2 \\ \hat{a}_1 \\ \hat{a}_2 \\ \hat{a}_3 \\ \hat{a}_4 \\ \hat{a}_5 \\ \hat{a}_6 \\ \hat{a}_7 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 10.269 \\ 8.077 \\ .064 \\ .397 \\ .051 \\ -.513 \\ .064 \\ .462 \\ -.179 \end{bmatrix}.$$

Различие между двумя хозяйствами по привесам (здесь  $\hat{h}_i$  есть оценка  $\mu+h_i$ ):

$$\hat{h}_1 - \hat{h}_2 = 10,269 - 8,077 = 2,192.$$

Допустим, что  $\sigma_e^2 = 0,453$ , тогда варианса ошибки EBV свинки № 7 равна:

$$PEV_7 = \text{Var}(\hat{a}_7 - a_7) = C_{22}^{77} \sigma_e^2 = 0,744 \times 0,453 = 0,337,$$

а стандартная ошибка EBV:

$$SEP_7 = \sqrt{\text{Var}(\hat{a}_7 - a_7)} = 0,58.$$

Достоверность EBV свинки № 7 составит:

$$REL_7 = \text{Corr}^2(\hat{a}_7, a_7) = 1 - \frac{\text{Var}(\hat{a}_7 - a_7)}{\text{Var}(a_7)} = 1 - \frac{0,337}{0,453} = 0,26, \text{ или } 26\%.$$

Формула EBV животного по BLUP AM в скалярной форме выглядит так:

$$\hat{A}_{ind} = W1[(\hat{A}_{sire} + \hat{A}_{dam})/2] + W2 \times YD + W3(2\hat{A}_{off} - \hat{A}_{mate}),$$

где:  $\hat{A}_j = \hat{a}_j$  - оценки EBV  $j$ :  $\hat{A}_{ind}$  - EBV  $j$ -го животного;  $\hat{A}_{sire}$  - EBV отца;  $\hat{A}_{dam}$  - EBV матери;  $\hat{A}_{off}$  - EBV животного по качеству потомства;  $\hat{A}_{mate}$  - средняя EBV партнеров по спариванию;  $YD_j = y_{ij} - \hat{h}_i$  - продуктивность животного, скорректированная на эффект хозяйства;  $W1, W2, W3$  - весовые коэффициенты ( $W1 + W2 + W3 = 1$ ).

Для  $W1$  числитель равен 2, если известны оба родителя,  $4/3$  - если неизвестен один из родителей и 1 - если оба родителя неизвестны. Для  $W2$  числитель равен  $(1/\gamma) \sum W$ , где  $W$  - число записей у  $j$ -го животного. И для  $W3$  числитель равен половине числа потомков, но потомок от неизвестного партнера приравнивается к  $2/3$ . Все три весовые коэффициента имеют один и тот же знаменатель, который является суммой их числителей. Расчет EBV для свинки № 7:

$$\hat{A}_7 = (2/3)[(0,051 - 0,513)/2] + (1/3)(8 - 8,077) + (0)(0) = -0,179.$$



Относительно BLUP SM, переход на BLUP AM может повысить эффективность селекции на 30% и более. Отметим также, что использование BLUP AM требует полного и качественного племенного учета, создание информационных баз данных, соответствующей вычислительной техники и программного обеспечения.

### **Литература:**

1. Кузнецов В.М., Шестиперов А.А., Егорова В.Н. *Методические рекомендации по использованию метода BLUP для оценки племенной ценности быков-производителей*. Л.: 1987.-69 с.
2. Кузнецов В.М. *Методы племенной оценки животных с введением в теорию BLUP*. Киров: Зональный НИИСХ Северо-Востока, 2003.-358 с.
3. Кузнецов В.М. *Основы научных исследований в животноводстве*. Киров: Зональный НИИСХ Северо-Востока, 2006.-568 с.