

УДК 573.22.087.1.001.57

АЛГОРИТМИЗАЦИЯ ВЫЧИСЛИТЕЛЬНОЙ ЧАСТИ МЕТОДИКИ  
МОРФОЛОГИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ ПРИ ИЗУЧЕНИИ  
СИСТЕМАТИКИ ЖИВОТНЫХ

Е.М.Малкин

Развитие современных методов исследования в области изучения систематики животных (биохимических, цитологических, этологических и др.) ни в коей мере не снижает значения традиционного морфометрического анализа. Изучение систематики того или иного объекта сейчас, как и прежде, предусматривает выявление и описание ряда признаков, определяющих особенности внешнего вида животного и его внутреннего строения, характеристику размерно-возрастной изменчивости и, наконец, анализ сравнительной изменчивости признаков сопоставляемых систематических подразделений.

Расчетная часть методики морфологических исследований, насыщенная вычислением многочисленных вариационно-статистических показателей, чрезвычайно трудоемка. Прежде всего, набор исследуемых признаков обычно бывает довольно велик (иногда до нескольких десятков). По каждому признаку в зависимости от количества выделенных для изучения размерных или возрастных групп надлежит найти статистические показатели вариационных рядов (общее число вариантов, среднюю арифметическую, ее ошибку, квадратическое отклонение, коэффициент вариации) отдельно для каждого пола и для обоих полов вместе. Кроме того, необходимо вычислить и оценить показатели размерной и половой дифференциации, причем число последних равняется числу сочетаний из  $n$  по 2 ( $C_n^2$ ), где  $n$  — количество выделенных для изучения размерных или возрастных групп. Половой диморфизм при анализе размерной изменчивости признака предусматривает увеличение числа сравнений вдвое, так как вычисление в этом случае ведется отдельно по самцам и самкам.

Если перед исследователем стоит задача сравнить несколько группировок животных для выяснения, например, межпопуляционной, межрасовой или межвидовой изменчивости, количество рассчитываемых показателей дифференциации сильно возрастает. Например, чтобы оценить в сравнительном аспекте изменчивость трех популяций по 30 морфологическим признакам при четырех выделенных в каждой пробе размерных или возрастных группах придется рассчитать одних только показателей дифференциации более двух тысяч. Если число сравниваемых популяций увеличить до шести, количество названных показателей приблизится к шести с половиной тысячам.

Вполне понятно, что объем вычислений, необходимый в подобных случаях, столь велик, что его выполнение вручную или с использованием клавишных счетных машин практически невозможно в сколько-нибудь приемлемые сроки. Обычно в таких случаях исследователь стремится максимально упростить задачу, опустив факторы, существенно, по его мнению, не влияющие на изучаемый процесс. В некоторых случаях подобный подход может привести к серьезным просчетам и ошибочным выводам.

В данной работе мы предлагаем один из возможных способов алгоритмизации вычислительной части методики морфологических исследований, применяемой при изучении систематики животных. Проводимая формализация касается всех вариантов морфометрического исследования меристических и пластических признаков любых животных с условием, что изменчивость этих признаков и количество материала, представляющего изучаемую группу, позволяет составить вариационный ряд.

Реализация алгоритма на электронно-вычислительной машине (ЭВМ), способной за сравнительно короткое время выполнять большой объем вычислительной работы, расширит возможности исследований в данной области и позволит решать поставленные задачи во всей их полноте, без вынужденных допущений и упрощений.

Для иллюстрации методики расчетов, применяемой при изучении сравнительной морфологии животных, обратимся к таблице, в которую сведены результаты промеров или просчета какого-либо признака у двух сопоставляемых систематических или экологических "разностей". Пусть это будут две популяции из разных мест обитания. В сущности таблица пред-

ставляет собой набор вариационных рядов, характеризующих данный признак внутри сравниваемых популяций. Цифры, стоящие в таблице на пересечении  $i$ -й строки и  $l$ -го столбца, обозначают частоту встречаемости исследуемых животных с характеристикой признака, укладываемой в рамки данного класса. В каждой популяции выделено по четыре размерные группы, которые в свою очередь содержат материал по самцам, самкам и суммарный по обоим полам. При отсутствии материала в какой-либо группе соответствующие строки заполняются нулями. Пятая графа по горизонтали предназначена для общих средних показателей. О том, в каких случаях она заполняется, будет сказано ниже.

Расчетная часть методики обычно начинается с нахождения характеристик совокупности по вариационному ряду ( $n, M, m, \sigma, CV$ ). После того как определены необходимые показатели по самцам, самкам и обоим полам для каждой размерной группы всех исследуемых популяций, приступают к анализу половой изменчивости признака. Для этого, используя формулу  $dif = \frac{M_1 - M_2}{\sqrt{m_1^2 + m_2^2}}$ , сравнивают между собой самцов и самок каждой размерной группы.

При выборе критерия реальности различий лучше всего пользоваться таблицей Стьюдента для трех степеней вероятности ( $P_1=0,95$ ;  $P_2=0,99$ ;  $P_3=0,999$ ). Однако для конкретных практических целей можно использовать постоянный критерий. Мы полагаем, что при изучении морфологических особенностей строения животных наиболее целесообразно ориентироваться на критерий, равный 2,2, который при числе степеней свободы, равном или большем 10, указывает на существование реальных различий у сравниваемых показателей с 95%-ной вероятностью. Такой подход нам кажется достаточно обоснованным, поскольку при изучении изменчивости признаков вариационный ряд, составленный на материале, содержащем менее 10 экз., вряд ли может удовлетворить исследователя. К тому же 95%-ная вероятность реальности различия вполне убедительна. Если взять больший критерий, можно не уловить, например, реально существующих половых различий и дальнейший анализ размерной и межпопуляционной изменчивости вести не раздельно, сравнивая самцов с самцами и самок с самками, а по объединенной суммарной группе "оба пола". Это, правда упростит расчеты (что при использовании ЭВМ существенного значения не имеет), зато может привести к совершенно неверным выводам.

Форма представления исходных данных по какому-либо признаку для двух сравниваемых популяций

Но- мер пу- ля- ции <i>r</i>	Размер- ная группа и ее номер <i>j</i>	Пол	Строки <i>l</i>	Размерные классы и их номера <i>l</i>							
				8,1- 8,5	8,6- 9,0	9,1- 9,5	9,6- 10,0	10,1- 10,5	10,6- 11,0	11,1- 11,5	11,6- 12,0
				1	2	3	4	5	6	7	8
I	10-30	♂	1	0	2	3	5	3	2	0	1
		♀	2	0	3	5	10	7	3	2	1
	I	♂	3	0	5	8	15	10	5	2	2
		♀	3	0	5	8	15	10	5	2	2
	30-50	♂	4	1	1	2	5	12	7	3	1
		♀	5	1	0	3	7	10	0	1	0
	2	♂	6	2	1	5	12	22	7	4	1
		♀	6	2	1	5	12	22	7	4	1
	50-70	♂	7	0	2	3	8	10	6	2	1
		♀	8	1	3	3	7	6	3	1	0
	3	♂	9	1	5	6	15	16	9	3	1
		♀	9	1	5	6	15	16	9	3	1
70-100	♂	10	1	3	3	5	8	5	2	1	
	♀	11	1	1	2	9	5	3	1	1	
4	♂	12	2	4	5	14	13	8	3	2	
	♀	12	2	4	5	14	13	8	3	2	
Всего в среднем		♂	13								
		♀	14								
		♂	15								
2	10-30	♂	1	1	3	6	4	2	1	1	0
		♀	2	1	2	8	3	2	0	1	0
	I	♂	3	2	5	14	7	4	1	2	0
		♀	3	2	5	14	7	4	1	2	0
	30-50	♂	4	1	3	7	6	4	2	1	0
		♀	5	3	8	3	2	1	1	1	0
	2	♂	6	4	11	10	8	5	3	2	0
		♀	6	4	11	10	8	5	3	2	0
	50-70	♂	7	0	2	7	5	2	2	1	1
		♀	8	3	8	4	2	1	0	1	0
	3	♂	9	3	10	1	7	3	2	2	1
		♀	9	3	10	1	7	3	2	2	1
70-100	♂	10	1	2	9	3	1	2	1	0	
	♀	11	2	5	6	3	2	1	0	0	
4	♂	12	3	7	15	6	3	3	1	0	
	♀	12	3	7	15	6	3	3	1	0	
Всего в среднем		♂	13								
		♀	14								
		♂	15								

Примечание. Размерные группы и классы даются в условных единицах измерения.

Таким образом, если при изучении половой изменчивости различных размерных групп данного подразделения животных  $dif \geq 2,2$  - налицо половой диморфизм.

В нашем примере в обоих рассматриваемых популяциях самцы и самки реально различаются по данному признаку при размерах тела 30-50 и в особенности 50-70 условных единиц измерения. С биологической точки зрения это могло бы означать, что половой диморфизм проявляется у половозрелых животных в период наибольшей половой активности (брачные изменения). Так или иначе, наличие реальных отличительных черт у самцов и самок заставляет анализ размерно-возрастной изменчивости вести для каждого пола отдельно.

Этот анализ проводится внутри каждой популяции путем расчета дифференциации между самцами разных размерных групп и между самками тех же групп. Сравнение ведется таким образом, что показатели каждого вариационного ряда сравниваются последовательно с показателями всех рядов, характеризующих животных того же пола других размерных групп. Наиболее удобно представлять результаты расчета размерной изменчивости в такой форме, где показатели дифференциации находятся на пересечении строк и столбцов с номерами сравниваемых рядов (в качестве примера приведены данные по самцам из первой популяции):

Номера сравниваемых рядов	4	7	10
I	2,0	4,0	0,8
4		2,8	1,2
7			3,5

После того как проанализированы результаты изучения половой и размерной изменчивости внутри всех исследуемых популяций, намечают способ определения расхождений по данному признаку между этими популяциями.

Если различия средних по размерным группам во всех популяциях нереальны, т.е. данный признак не меняется с изменением размера (или возраста) животного, но реальная половая дифференциация существует, дальнейшие сравнения ведут по суммарным средним рядам, характеризующим самцов и самок каждой популяции. Когда не выражен также и половой диморфизм, ис-

пользуют средний ряд по обоим полам. В обоих указанных случаях заполняется суммарная средняя графа "всего в среднем".

Принцип сравнения остается таким же, как и при вычислении размерной дифференциации.

Если по данному признаку у разноразмерных животных имеются значимые различия и нет реальных половых расхождений, анализ межпопуляционной изменчивости ведут, сравнивая между собой оба пола каждой размерной группы первой и всех последующих популяций. Когда имеет место еще и половой диморфизм, по той же схеме сопоставляют отдельно самцов и самок.

В предлагаемом алгоритме предусмотрено решение любого из названных вариантов расчета и включены операторы, ответственные за анализ последовательности вычислений в каждом конкретном случае.

Для применения алгоритма необходимо располагать исходными данными, которые мы объединили в две группы: константы и массивы. Константами являются следующие данные:

$R$  - число сравниваемых популяций (в нашем примере  $R = 2$ );

$J$  - общее число размерных групп в каждой популяции (в данном случае  $J = 4$ );

$U$  - общее число классов ( $U = 8$ );

$B$  - общее число вариационных рядов или число строк в популяции ( $B = 15$ );

$k$  - классовый промежуток, равный в исследуемом примере 0,5;

$v$  - количество строк в каждой размерной группе ( $v = 3$ );

Прежде чем определить массивы исходных данных, обозначим основные переменные алгоритма:

$r$  - номер популяции, изменяющийся от 1 до  $R$  ;

$j$  - номер размерной группы ( $j = 1, 2, \dots, J$ );

$i$  - номер соответствующего вариационного ряда или номер строки ( $i = 1, 2, \dots, B$ );

$\ell$  - номер класса ( $\ell = 1, 2, \dots, U$ ).

Массивами являются следующие наборы данных:

$t_{\ell}$  - минимальное значение (нижняя граница)  $\ell$ -го класса;

$T_{\ell}$  - максимальное значение (верхняя граница)  $\ell$  -го класса;  
 $C_{i\ell}$  - содержание ячейки, находящейся на пересечении  $i$  -й строки и  $\ell$  -го столбца;

В результате применения алгоритма к перечисленным исходным данным могут быть получены следующие массивы:

- $n_i$  - общее количество наблюдений, характеризующих данный признак в  $i$  -й строке;  
 $M_i$  - средняя арифметическая для  $i$  -го вариационного ряда;  
 $m_i$  - ошибка  $i$  -й средней;  
 $\sigma_i$  - среднее квадратическое отклонение от  $i$  -й средней;  
 $cV_i$  - коэффициент вариации  $i$  -го ряда;  
 $U_j$  - показатель половой дифференциации для  $j$  -й размерной группы;  
 $P_{xq}$  - показатель размерной дифференциации, рассчитанной для обоих полов (индексы  $x$  и  $q$  определяют последовательность чередования сравниваемых рядов. Подробнее о схеме сопоставления рядов в алгоритме будет сказано ниже);  
 $P'_{xq}$  и  $P''_{xq}$  - те же показатели, рассчитанные соответственно для самцов и самок;  
 $Q_{xq}$  - показатель межпопуляционной дифференциации по обоим полам, рассчитанный для одинаковых размерных групп;  
 $Q'_{xq}$  и  $Q''_{xq}$  - то же по самцам и самкам;  
 $\varepsilon_{r\ell}$  - показатель среднего значения  $\ell$  -го класса в  $r$  -й популяции, на печать выдается в виде  $C_{i\ell}$  путем присвоения  $i$  значения В (для обоих полов) или В-1 и В-2 (соответственно для самок и самцов);  
 $N_{xq}$  - показатель межпопуляционной дифференциации по обоим полам, рассчитанный по суммарным рядам;  
 $N'_{xq}$  и  $N''_{xq}$  - аналогичные показатели по самцам и самкам.

Кроме того, для построения развернутой блок-схемы алгоритма и проведения по ней расчетов понадобится ряд вспомогательных условных обозначений, которые мы введем и определим в процессе описания алгоритма.

Блок-схема конструируемого алгоритма состоит из семи блоков (рис. I).

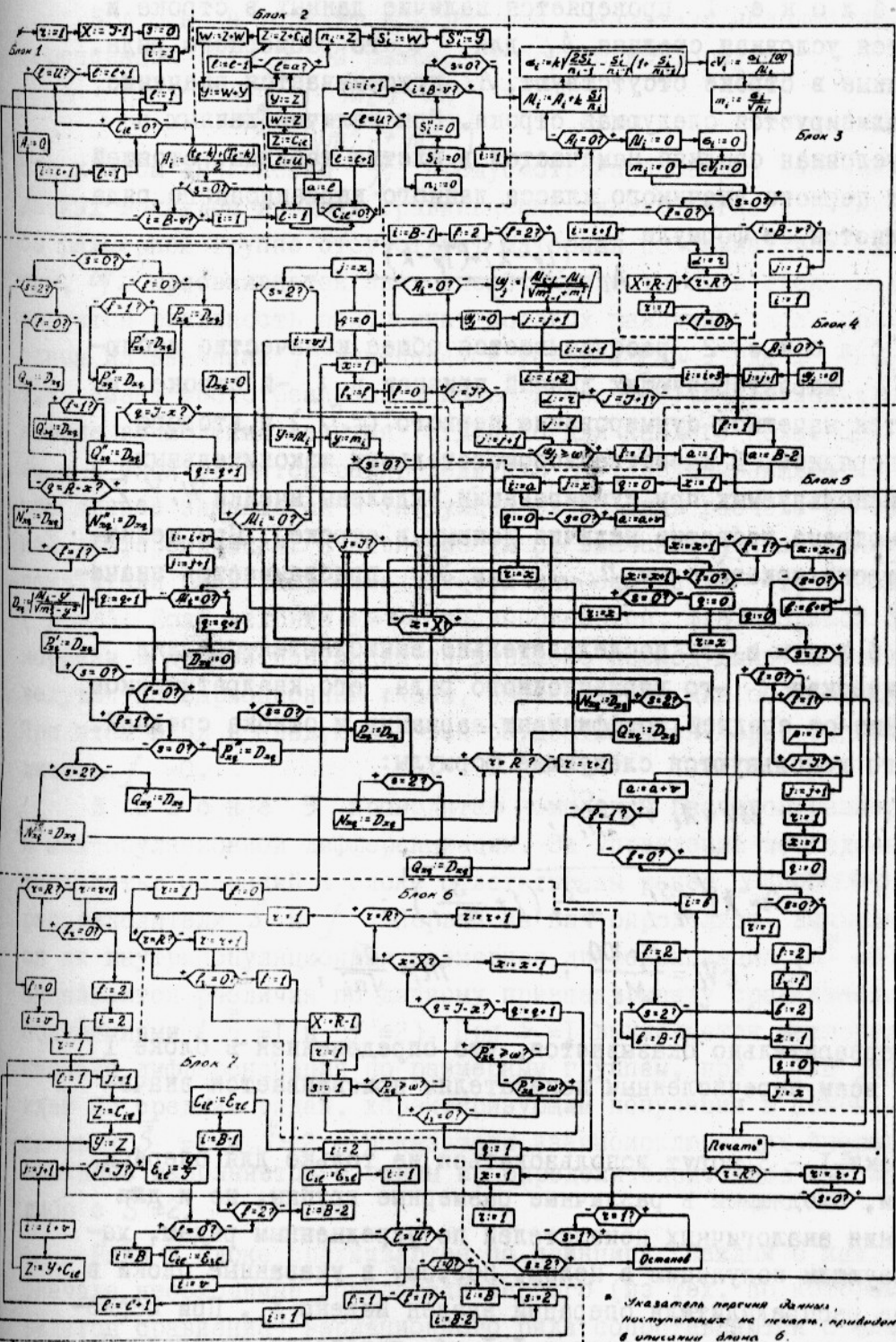


Рис.1. Развернутая блок-схема алгоритма методики морфологических исследований



В блоке I проверяется наличие данных в строке и намечается условная средняя  $A_i$  для  $i$ -го размерного ряда. Если данные в строке отсутствуют,  $A_i$  присваивается значение 0 и анализируется следующая строка. При наличии данных в строке условная средняя намечается в клетке таблицы, стоящей слева от первого значимого класса данного вариационного ряда и вычисляется по формуле

$$A_i = \frac{(t_i - k) + (T_i - k)}{2}$$

В блоке 2 рассчитывается общее количество наблюдений  $n_i$ , характеризующих данный признак в  $i$ -й строке, и проводится начетное суммирование первого ( $S_i'$ ) и второго ( $S_i''$ ) порядков. В качестве вспомогательных накопительных ячеек, используемых при суммировании, выделены ячейки  $W, Y, Z$ . (Предусмотрена проверка наличия данных в строке). При незначимой строке показателям  $n_i, S_i'$  и  $S_i''$  присваивается значение 0.

В блоке 3 последовательно вычисляются средняя арифметическая  $i$ -го вариационного ряда, его квадратическое отклонение от средней, коэффициент вариации и ошибка средней. Для этого используются следующие формулы:

$$M_i = A_i + k \frac{S_i'}{n_i};$$

$$\sigma_i = k \sqrt{\frac{2S_i''}{n_i - 1} - \frac{S_i'}{n_i - 1} \left(1 + \frac{S_i'}{n_i - 1}\right)};$$

$$CV_i = \frac{\sigma_i \cdot 100}{M_i}; \quad m_i = \frac{\sigma_i}{\sqrt{n_i}};$$

Если предварительно оказывается, что определенная в блоке I  $A_i = 0$  всем перечисленным показателям присваивается значение 0.

Блоки I - 3 могут использоваться не только для операций с рядами, входящими в различные размерные группы, но и для нахождения аналогичных показателей по усредненным рядам, характеризующим популяцию в целом. Поэтому в указанные блоки в качестве распределителя операций введен индекс  $S$ . При первоначальном использовании блоков I-3  $S$  присвоено значение 0. Равенство  $S$  нулю требует определения показателей рядов для значений  $i$  от I до  $B-v$  (в нашем примере - до I2).

Б л о к 4 служит для расчета показателя половой дифференциации  $u_j$  в  $j$ -й размерной группе по формуле

$$u_j = \left| \frac{M_{i-1} - M_i}{\sqrt{m_{i-1}^2 + m_i^2}} \right|$$

При каждом вычислении  $u_j$  предусмотрена проверка наличия данных в каждом из двух сравниваемых рядов. Когда в какой-либо размерной группе отсутствует материал по самцам или самкам,  $u_j$  присваивается значение 0. Кроме того, в блоке анализируется реальность полученных половых различий. Если при одном из значений  $j$  выполняется условие  $u_j > \omega$ , где  $\omega = 2,2$ , т.е. имеет место реальная половая изменчивость признака, дальнейшие вычисления ведутся отдельно для каждого пола. При этом в блок вводится распределитель  $f$ , показывающий, на какие данные замыкается в следующем блоке цикл расчета размерной дифференциации. В зависимости от значения  $f$  вычисляются показатели размерной изменчивости для самцов ( $f = 1$ ) и самок ( $f = 2$ ). Если условие  $u_j > \omega$  не выполняется, т.е. половой диморфизм в данной популяции не выражен, последующие вычисления ведутся по вариационным рядам, составленным для обоих полов. При этом ввод в следующий блок осуществляется через распределитель  $f = 0$ .

В б л о к е 5 проводятся комплексы расчетов размерной и межпопуляционной дифференциации. За управление последовательностью операций в блоке ответственны ранее упомянутые распределители  $\bar{S}$  и  $f$ . Первый из них определяет, вычисляется ли внутривидовая размерная дифференциация ( $\bar{S} = 0$ ) или оцениваются различия по данному признаку между сравниваемыми популяциями ( $\bar{S} = 1$  и  $\bar{S} = 2$ ). При  $\bar{S} = 1$  вычисляется межпопуляционная дифференциация по размерным группам, при  $\bar{S} = 2$  расчет идет по средним рядам, характеризующим популяции в целом. Поскольку  $\bar{S} = 1$  и  $\bar{S} = 2$  - показатели взаимоисключающих операций комплекс выполняется с одним из определителей: либо с  $\bar{S} = 1$ , либо с  $\bar{S} = 2$ .

Ряды в блоке сравниваются по принципу "каждый с каждым". Сначала необходимые показатели первого (из тех, по которым ведется сравнение) вариационного ряда сопоставляются с аналогичными показателями соответствующих последующих рядов. Потом все, кроме первого ряда, сравниваются со вторым, затем все, кроме первого и второго, - с третьим и т.д. Таким образом, вычисление показателя дифференциации идет по этапам, количество

которых обозначается  $x$ . Одновременно  $x$  является номером начального (из сравниваемых на данном этапе) ряда. Индексом  $q$  обозначен номер рассчитываемого на каждом этапе показателя дифференциации.

Расчет любого из показателей дифференциации ведется в ячейке  $D_{xq}$ . Полученные очередные значения в зависимости от того, показатель какой изменчивости в настоящий момент вычисляется, засылаются для выдачи на печать в ячейки  $P_{xq}$ ,  $P'_{xq}$ ,  $P''_{xq}$ ;  $Q_{xq}$ ,  $Q'_{xq}$ ,  $Q''_{xq}$  или  $N_{xq}$ ,  $N'_{xq}$ ,  $N''_{xq}$ .

Схема последовательности вычислений размерной дифференциации дана на рис.2 на примере анализа обоих полов.

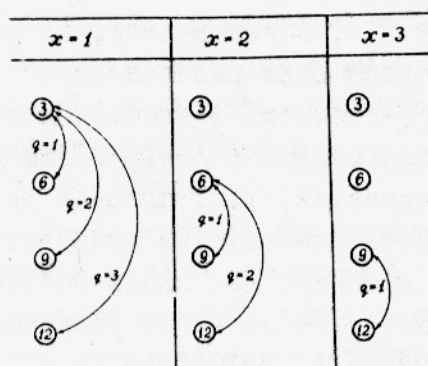


Рис.2. Схема последовательности вычислений размерной дифференциации

При проведении первого этапа вычислений коэффициентов размерной дифференциации ( $x = 1$ ) осуществляется  $J-1$  сравнений. (В нашем случае их будет 3; соответственно  $q$  будет изменяться от 1 до 3). На втором этапе ( $x = 2$ ) число сравнений будет равняться  $J-2$  (при этом  $q$  изменится от 1 до 2) и т.д. до  $J-(J-1)$ . Если общее количество этапов обозначить через  $X$ , то  $X = J-1$ .

По приведенной схеме в зависимости от значения индексов  $x$  и  $q$  показателя размерной дифференциации  $P_{xq}$ , напечатанного при реализации алгоритма, легко определить, какие вариационные ряды данной популяции сравнивались в каждом отдельном случае. Номер популяции при этом печатается особо. Для этого в предыдущем блоке предусмотрена ячейка  $\alpha$ , куда засылается значение очередного  $\Gamma$  для выдачи на печать.

Межпопуляционная изменчивость рассчитывается лишь после того, как в следующем блоке будут напечатаны ранее полученные данные и проанализирована реальность размерных различий во всех популяциях, а при целесообразности рассчитаны также общие средние ряды.

Чтобы представить схему последовательности вычислений показателей межпопуляционной дифференциации, применяемую в

алгоритме, нужно мысленно дополнить рассматриваемый пример данными по двум-трем аналогичным популяциям. Пусть надлежит сопоставить между собой не 2, а, скажем, 4 изучаемые группировки и при этом провести сравнение по размерным группам.

Внешне схема сравнения вариационных рядов будет похожа на приведенную выше (см. рис. 2), однако в данном случае она окажется заметно сложнее (рис. 3) и конструктивно будет отличаться. Если в предыдущем примере цифры в кружках обозначали порядковый номер сравниваемых рядов внутри одной популяции, то в настоящем примере, где сравниваются однономерные ряды из разных популяций, в кружках проставлены номера популяций.

При вычислении

межпопуляционной дифференциации оговоренное выше количество этапов сравнения показателей рядов  $X$  будет равно  $R - 1$ . Число поэтапных сравнений будет меняться соответственно от  $R - 1$  до  $R(R - 1)$ .

Как и в первом случае, пользуясь схемой, изображенной на рис. 3, нетрудно определить номера рядов и популяций, сравниваемых между собой. Если, например, напечатано  $\beta^* = 6$ ,  $N_{22} = 3, 7$ , по схеме легко установить, что при выяснении различий между вариационными рядами под номером 6 (что соответствует данным по обоим полам

второй размерной группы) из 2-й и 4-й популяций показатель дифференциации равняется 3, 7.

$\bar{x}$ ) В ячейку  $\beta$  засылается содержимое ячейки  $i$  для выдачи на печать.

$i \backslash j$	1	2	3
3			
6			
9			
12			

Рис. 3. Схема последовательности вычислений межпопуляционной дифференциации по размерным группам у четырех популяций (на примере анализа обоих полов)

В блоке 5, помимо названных условных обозначений, используются следующие обозначения вспомогательных ячеек:

$Y$  и  $y$  - ячейки, служащие соответственно для засылки очередного значения средней арифметической и ее ошибки; используются при очередном расчете показателя дифференциации по формуле

$$D_{xq} = \left| \frac{M_i - Y}{\sqrt{m_i^2 + y^2}} \right|$$

$a$  и  $b$  - ячейки, куда засылаются числа, определяющие режим смены номеров соответственно самцов и самок;

$f_r$  - ячейки для засылки распределителей  $f$ ; в последующем блоке на основании предшествующих расчетов их результаты используются для дальнейшего управления алгоритмом.

В блоке 6 осуществляются печать полученных данных и управление последующими операциями. Для каждой из рассматриваемых популяций в блоке печатается ее номер ( $\alpha$ ) и массивы:  $n_i$ ,  $M_i$ ,  $b_i$ ,  $cV_i$ ,  $u_j$ . При  $S=0$ , если  $f=0$ , для каждого  $\alpha$  печатается массив  $P_{xq}$ , если  $f=1$  или  $f=2$ , - массивы  $P'_{xq}$  и  $P''_{xq}$ . Если в алгоритме вычисляется комплекс операций, введенный через распределитель  $S=1$ , и при этом  $f=0$ , для каждого предварительно напечатанного номера ( $\beta$ ) однономерных рядов из разных популяций печатается массив  $Q_{xq}$ . В том случае, когда  $f \neq 0$ , для каждого  $\beta$  печатаются массивы  $Q'_{xq}$  и  $Q''_{xq}$ . Наконец, если выполняется комплекс с определителями  $S=2$  и  $f=0$ , печатаются (при  $i=B$ ) для каждого  $\alpha$  массивы  $C_{il}$ ,  $M_i$ ,  $m_i$ ,  $b_i$ ,  $cV_i$  и массив  $N_{xq}$ . Когда  $f \neq 0$ , на печать выдаются для каждого  $\alpha$  (при  $i=B-2$ ) массивы  $C_{il}$ ,  $M_i$ ,  $m_i$ ,  $b_i$ ,  $cV_i$ ,  $N'_{xq}$  и (при  $i=B-1$ ) опять-таки для каждого предварительно напечатанного  $\alpha$  - массивы  $C_{il}$ ,  $M_i$ ,  $m_i$ ,  $b_i$ ,  $cV_i$ ,  $N''_{xq}$ .

Управление операциями в алгоритме осуществляется следующим образом. После того как вычислены показатели вариационных рядов, рассчитана половая и размерная дифференциация в первой популяции, печатаются полученные результаты, и цикл расчетов повторяется с исходными данными второй популяции, затем - третьей и т.д., пока  $r$  не достигнет своей конечной величины  $R$ .

Дальнейшее управление операциями производится при помощи анализа реальности размерных и половых различий внутри

изучаемых популяций. Если окажется, что в какой-либо популяции показатель размерной дифференциации ( $P_{xq}$  или  $P'_{xq}$  и  $P''_{xq}$ ) больше или равен  $\omega$  и есть реальные половые различия<sup>ж)</sup>, то для вычисления межпопуляционной изменчивости осуществляется вход в блок 5 через распределитель  $f = 1$ . При нереальности половых различий для той же цели используется  $f = 0$ . В обоих случаях  $S$  присваивается значение 1.

Когда в массивах показателей  $P_{xq}$  или  $P'_{xq}$  и  $P''_{xq}$  не оказывается величины, большей или равной  $\omega$ , целесообразно анализ межпопуляционной изменчивости вести по суммарным усредненным рядам, характеризующим каждую популяцию.

В блоке 7 вычисляются средние ряды для каждой популяции по формуле  $E_{r\ell} = \frac{Y}{f}$ , где  $Y$  — сумма соответствующих элементов  $\ell$ -го столбца в  $r$ -й популяции. В зависимости от значения  $f_r$  расчет, как и раньше, ведется либо по обоим полам, либо отдельно по самцам и самкам. Вычисленное содержимое каждой ячейки  $E_{r\ell}$  засылается в ячейку  $C_{i\ell}$ , причем предварительно  $i$  присваивается значение В (при  $f = 0$ ) или В-2 (при  $f = 1$ ) и В-1 (при  $f = 2$ ).

После вычисления среднего ряда первой популяции  $S$  присваивается значение 2 и осуществляется переход в блок 1. В этом случае снова используются первые три блока, где вычисляются показатели теперь уже средних вариационных рядов. По распределителю  $S \neq 0$  полученные данные из блока 3 выводятся на печать и снова в работу вступает блок 7. Когда  $r$  достигнет своей конечной величины  $R$ , т.е. расчеты проведены для всех популяций, из блока 3 следует переход в блок 5, где вычисляются для каждого  $r$  массивы  $N_{xq}$  или  $N'_{xq}$  и  $N''_{xq}$ .

Остановка машины осуществляется в блоке 6 по сигналу  $S = 1$  (если оценка межпопуляционной изменчивости велась по размерным группам) или  $S = 2$  (если расчеты проводились по средним рядам). В том случае, когда алгоритм используется для морфометрической характеристики единственной популяции ( $r = R = 1$ ), остановка машины предусмотрена сразу же после проведения расчетов по данному признаку внутри этой популяции.

ж) Половая изменчивость оценивалась раньше в блоке 4, поэтому здесь анализируется значение определителей  $f$ , засланных в ячейки  $f_r$ . При  $f_r = 0$  половые различия нереальны, при  $f_r \neq 0$  констатируется половой диморфизм.

В алгоритме предусмотрены не только расчет тех или иных необходимых показателей, но и специальные операции, ответственные за самоуправление алгоритмом в зависимости от полученных результатов. Иначе говоря, при реализации предлагаемого алгоритма исследователь освобождается не только от трудоемкого вычислительного процесса, но и от значительной части аналитической работы, в результате которой намечаются пути дальнейших расчетов. При этом поставленная задача решается во всей полноте, без каких-либо допущений и упрощений. Таким образом, представляется возможность ценой относительно малой затраты труда оперативнее и глубже вникать в сущность изучаемых явлений и объектов.

Algorithmization of the computable part of  
the methods of morphological investigations  
of animal systematics

E.M.Malkin

S u m m a r y

The way of algorithmization of the computable part of the method of morphological investigations applied to the systematics of animals is suitable for all versions of the morphometric studies of meristic and plastic features of any animals on condition the variability of the features and amount of material accumulated for a given group of animals make it possible to construct variational series.

The algorithm consists of seven blocks in which indices of variational series are computed, sexual and size-age variability is assessed and differences in a given feature among comparable systematic or ecological groups of animals are analysed.

Special operations are provided in the algorithm responsible for the control of sequence of computations with regard to the results obtained.

The implementation of the algorithm at the computer will extend opportunities of the morphometric analysis which is limited due to the cumbersome computation procedure, and the assigned problem will be solved without assumptions or simplification.