

УДК 636.018

DOI: 10.25708/ZT.2022.55.68.001

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ МАРКИРОВАНИЕ ПРИЗНАКОВ ПРОДУКТИВНОСТИ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА КАЗАХСКОЙ БЕЛОГОЛОВОЙ ПОРОДЫ НА ОСНОВЕ ПОЛНОГЕНОМНОГО SNP-ТИПИРОВАНИЯ

Ковальчук А.М.¹, Белая Е.В.², Юлдашбаев Ю.А.³, Бейшова И.С.¹

¹НАО «Западно-Казахстанский аграрный технический университет имени Жангир хана»

Республика Казахстан, 090009, г. Уральск, ул. Жангир хана, 51

²УО «Белорусский государственный педагогический университет им. Максима Танка»

Республика Беларусь, 220050, г. Минск, ул. Советская, 18

³ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева»

Российская Федерация, 127434, г. Москва, ул. Тимирязевская, 49

GENETIC MARKING OF PRODUCTIVITY TRAITS OF KAZAKH WHITE-HEADED CATTLE BASED ON GENOME-WIDE SNP TYPING

Kovalchuk A.M.¹, Belaya E.V.², Yuldashbayev Yu.A.³, Beishova I.S.¹

¹West Kazakhstan Agrarian Technical University named after Zhangir Khan Republic of Kazakhstan, 090009, Uralsk, Zhangir Khan str., 51

²Maxim Tank Belarusian State Pedagogical University

Republic of Belarus, 220050, Minsk, Sovetskaya str., 18

³Russian State Agrarian University-Moscow Timiryazev Agricultural Academy

Russian Federation, 127434, Moscow, Timiryazevskaya str., 49

Аннотация. Актуальность исследования обусловлена потребностью применения современных технологий ранней оценки и отбора на основании генетического потенциала продуктивности в селекции крупного рогатого скота.

В данной статье представлен подход к использованию биочипа GeneSeek GGP Bovine 150K, со средней плотностью покрытия 150 000 SNP («Illumina Inc.») для SNP-типирования мясной продуктивности у крупного рогатого скота казахской белоголовой породы.

В ходе проведения исследования выявлены генотипы-маркеры повышенной живой массы у животных казахской белоголовой породы: полиморфизмы T/C (rs109910863), A/G (rs110320975), G/A (rs137243785) гена гистазерина (HSTN) и полиморфизм A/A (rs136552787) гена инсулиноподобный белок, связывающий фактор роста 6 (IGFBP6). Маркерами, ассоциированными с пониженной живой массой выявлены полиморфизмы A/C (rs110065568) гена миостатина (MSTN) и T/C (rs477350428), гена centrosomalного протеина (CEP).

Summary. The relevance of the study is due to the need to use modern technologies for early assessment and selection based on the genetic potential of productivity in cattle breeding.

This article presents an approach to the use of GeneSeek GGP Bovine 150K biochip, with an average coverage density of 150,000 SNP (Illumina Inc., USA) for SNP-typing of meat productivity in Kazakh White-Headed cattle.

During the study, genotypes-markers of increased live weight in Kazakh White-Headed animals were identified: polymorphisms T/C (rs109910863), A/G (rs110320975), G/A (rs137243785) of the histazerin gene (HSTN) and polymorphism A/A (rs136552787) of the insulin-like protein binding growth factor 6 (IGFBP6) gene. Markers associated with reduced live weight revealed polymorphisms A/C (rs110065568) of the myostatin gene (MSTN) and T/C (rs477350428), the centrosomal protein gene (CEP).

Ключевые слова: крупный рогатый скот, казахская белоголовая порода, SNP, генотипирование, маркер, геномная селекция

Key words: cattle, Kazakh White-Headed breed, SNP, genotyping, marker, genomic selection

Введение. Казахская белоголовая порода является основной породой мясного скота, разводимой на территории Казахстана, характеризующаяся хорошими мясными качествами, адаптацией к местным пастбищам и экстремальным погодным условиям [1,2,3]. На ее долю в стране приходится около 90% от общего поголовья мясного скота, его разводят практически во всех регионах страны [1].

Казахская белоголовая порода крупного рогатого скота создана методом воспроизводительного скрещивания казахского и казахско-калмыцкого скота с герефордами и утверждена 30 мая 1950 г. [2]. Казахская белоголовая порода отличается выносливостью, высо-

кой адаптационной способностью, репродуктивными, откормочными и кормовыми качествами [2,3].

Поиск новых генетических маркеров и разработка подходов к оценке их фенотипических эффектов на признаки продуктивности крупного рогатого скота сохраняет актуальность и практическую значимость. Однако, несмотря на тенденцию к удешевлению стоимости секвенирования, дороговизна этих методов и сложность биоинформатической обработки данных является ограничивающим фактором для применения этих инструментов в рутинном процессе небольших селекционных программ с небольшими по численности породами локального значения.

Геномная селекция позволяет сократить интервалы поколений и значительно ускорить селекционный прогресс в животноводстве.

Однако, выявлены случаи, когда данные разных авторов о характере ассоциации полиморфных вариантов одних и тех же генов у представителей разных пород, трудно сопоставимы и в некоторых случаях противоречат друг другу.

В связи с этим сохраняет актуальность разработка небольших диагностических панелей, включающих от нескольких единиц до нескольких десятков генетических маркеров целевого признака. Такие панели, будучи реализованы в виде наборов для реалтайм ПЦР являются сравнительно недорогими для массового применения в селекционных программах и достаточно информативными для принятия решения о генетическом потенциале продуктивности конкретных особей.

Цель данной работы - выявить участки в геноме казахской белоголовой породы ассоциированные с повышенной живой массой.

Материалы и методы исследований. Для проведения молекулярно-генетических исследований использовался биологический материал (волосы луковицы), отобранный от 100 голов крупного рогатого скота казахской белоголовой породы (KWh). Полногеномный анализ (генотипирование) проводили с использованием наборов биочипов GeneSeek GGP Bovine 150K (150 000 SNPs, Illumina) в Neogen Agrigenomics (США).

Программное обеспечение Plink v.1.9 [4] использовалось для контроля качества генотипирования по следующим параметрам: частота пропусков на SNP, частота пропусков на особь и частота минорных аллелей, равная 0,1, 0,1 и 0,05 соответственно. Тем не менее, для изучения

РАЗВЕДЕНИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, ГЕНЕТИКА

данных генотипа были исключены все дополнительные SNP, кроме SNP, расположенных на аутосомах.

После проведения контроля качества данных, для проведения анализа ассоциаций было отобрано 112 655 SNP, прошедшие фильтрацию по всем параметрам.

Для подсчета фрагментов ROH были применены следующие параметры: минимальное количество последовательных гомозиготных SNP в ROH составляло 30; минимальная плотность 1 SNP составляет 50 kb для каждого ROH; максимальный разрыв между последовательными гомозиготными SNP составлял 500 kb, чтобы избежать высокого неравновесия связей и коротких сегментов гомозиготности, минимальная длина ROH была установлена в 1 Mb. Длина ROH была классифицирована на пять различных классов в соответствии с номенклатурой Kirin и

др. [5] и Ferencakovic и др. [6-7] 1-2, 2-4, 4-8, 8-16, и >16 Мбайт. Оценивали среднее количество сегментов ROH на особь, среднюю длину ROH на животное, общую длину размера аутосомного генома, количество сегментов гомозиготности на хромосому и среднюю длину пробегов на хромосому.

Для идентификации геномных областей, связанных с высокой частотой ROH, процент встречаемости SNP в ROH оценивался путем подсчета количества раз, когда SNP был обнаружен внутри ROH у отобранных особей, затем доля случаев, когда каждый SNP попадает внутрь ROH, была нанесена на график в соответствии с позициями SNP вдоль хромосом. Для определения геномных координат идентифицированных областей, связанных с ROH, было использовано средство просмотра данных генома Bos taurus UMD 3.1.1,

доступный на сайте «Национального центра биотехнологической информации» (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/gdv/?org=bos-taurus>).

Для исследования ассоциации полиморфных вариантов генов-кандидатов с признаком живой массы в 12 месяцев были отобраны полиморфизмы, детектируемые с помощью чипа, локализованные в транскрибируемых, либо регуляторных областях генома с частотой мутантного аллеля не менее 0,05. Перечень генов, подходящих под эти критерии приведен в таблице 1.

Поиск SNP, локализованных в областях потенциальных генов-кандидатов осуществлен с помощью международной базы данных ensembl.org.

Результаты исследования. Породоспецифичные участки генома у казахской белоголовой породы оценивались с помощью ROH. В этом

Таблица 1. Общая характеристика отобранных генов-кандидатов у казахской белоголовой породы
General characteristics of the selected candidate genes in the Kazakh White-Headed breed

ID гена	Наименование SNP	Наименование гена	Смысл замены	Замена дикий/мут
ENSBTAG00000006021	rs477350428	центросомальный протеин (CEP)	Val1357Ala	T/C
ENSBTAT000000082365	rs109910863	гистазерин (HSTN)	Lys107Glu	T/C
ENSBTAT00000015674	rs110065568	миостатин (MSTN)	5 prime UTR variant	A/C
ENSBTAT000000063007	rs110175257	гистазерин (HSTN)	5 prime UTR variant	T/C
ENSBTAT000000076372	rs110320975	гистазерин (HSTN)	Leu249Ser	A/G
ENSBTAT000000063007	rs133461412	гистазерин (HSTN)	3 prime UTR variant	T/C
ENSBTAT000000053292	rs136552787	инсулиноподобный белок, связывающий фактор роста 6 (IGFBP6)	His188Tyr	G/A
ENSBTAT00000011957	rs137243785	гистазерин (HSTN)	Val7Ile	G/A
ENSBTAT00000015674	rs522351439	миостатин (MSTN)	5 prime UTR variant	G/A

Таблица 2. Список геномных областей расширенной гомозиготности, обнаруженных у казахской белоголовой породы
List of genomic regions of extended homozygosity found in the Kazakh White-Headed breed

Положение SNP на чипе		Хромосома	Положение SNP на хромосоме		Размер участка (МБ)
Начало полиморфизма	Конец полиморфизма		начало	конец	
BovineHD0200019434	ARS-BFGL-NGS-29723	2	67226923	72583890	5,4
ARS-BFGL-NGS-81871	BovineHD0200021334	2	73165500	74444101	1,3
ARS-BFGL-NGS-60615	ARS-BFGL-NGS-60615	4	75741220	75741220	0
BovineHD0400020986	BovineHD0400021091	4	75834041	76217768	0,4
BovineHD0500005000	BovineHD0500005499	5	17125373	19033947	1,9
Нартап39040-BTA-76581	BovineHD0600024109	6	64247306	68186013	3,9
BovineHD1400023124	UA-IFASA-8257	14	81909059	82261140	0,4
ARS-BFGL-NGS-19519	BovineHD2600014531	26	48407133	50284551	1,9

Согласно базе данных Cattle QTLdb (<https://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/BT/index>)

РАЗВЕДЕНИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, ГЕНЕТИКА

**Таблица 3. Распределение относительных частот аллелей потенциально- маркирующих SNP в популяции крупного рогатого скота казахской белоголовой породы (Q ±SQ)
Distribution of relative frequencies of alleles potentially marking SNP in the population of cattle of the Kazakh White-Headed breed (Q ±SQ)**

Наименование гена	Наименование SNP	Замена	Популяционная частота	Частота в группе Элит+Элит Рекорд	Частота в группе II класс и менее	P
центросомальный протеин (CEP)	rs477350428	T/C	0,45±0,004	0,38±0,005	0,45±0,004	0,808
гистазерин (HSTN)	rs109910863	T/C	0,12 ±0,02	0,18 ±0,02	0,10 +0,02	0,015
миостатин (MSTN)	rs110065568	A/C	0,22±0,01	0,21±0,01	0,31±0,02	0,001
гистазерин (HSTN)	rs110175257	T/C	0,25 ±0,004	0,20±0,005	0,22±0,006	0,301
гистазерин (HSTN)	rs110320975	A/G	0,25 ±0,03	0,34 ±0,03	0,21 ±0,03	0,018
гистазерин (HSTN)	rs133461412	T/C	0,12±0,005	0,12±0,005	0,11±0,006	0,32
инсулиноподобный белок, связывающий фактор роста 6 (IGFBP6)	rs136552787	G/A	0,28 ±0,02	0,37 ±0,02	0,26 ±0,02	0,061
гистазерин (HSTN)	rs137243785	G/A	0,12±0,01	0,19±0,01	0,12±0,01	0,003
миостатин (MSTN)	rs522351439	G/A	0,35±0,02	0,37±0,02	0,34±0,02	0,002

Примечание – различие по частотам аллелей между выборками значимо при $P < 0,05$

**Таблица 4. Живой вес животных казахской белоголовой породы в 12 месяцев (m±σ), среднее значение по выборке 318±7 (кг)
Live weight of Kazakh White-Headed breed animals at 12 months (m±σ), the average value of the sample is 318±7 (kg)**

Наименование гена	Наименование SNP	Замена	Генотип 1/1	Генотип 1/2	Генотип 2/2	Pдисп
центросомальный протеин (CEP)	rs477350428	T/C	322±9	315±7	298±7	0,02
гистазерин (HSTN)	rs109910863	T/C	314±11	349±8	315±6	0,04
миостатин (MSTN)	rs110065568	A/C	317±8	324±7	292±4	0,01
гистазерин (HSTN)	rs110175257	T/C	324±8	326±4	315±6	0,54
гистазерин (HSTN)	rs110320975	A/G	319±3	347±7	321±2	0,04
гистазерин (HSTN)	rs133461412	T/C	312±6	321±4	309±9	0,21
инсулиноподобный белок, связывающий фактор роста 6 (IGFBP6)	rs136552787	G/A	338±8	314±6	316±5	0,03
гистазерин (HSTN)	rs137243785	G/A	316±9	324±9	341±3	0,01
миостатин (MSTN)	rs522351439	G/A	326±9	317±7	302±11	0,36

P - значение для оценки значимости различия между тремя независимыми группами; Различие значимо при $P < \alpha$, $\alpha = 0,05$

**Таблица 5. Оценка достоверности различий между группами животных казахской белоголовой породы с маркирующими генотипами по отношению к общей выборке
Assessment of the reliability of differences between groups of animals of the Kazakh White-Headed breed with marking genotypes in relation to the general sample**

Наименование гена	Наименование SNP	Замена	Генотип 1/1	Генотип 1/2	Генотип 2/2
центросомальный протеин (CEP)	rs477350428	T/C	0,38	0,61	0,01
гистазерин (HSTN)	rs109910863	T/C	0,67	0,02	0,18
миостатин (MSTN)	rs110065568	A/C	0,84	0,34	0,02
гистазерин (HSTN)	rs110320975	A/G	0,36	0,00	0,41
инсулиноподобный белок, связывающий фактор роста 6 (IGFBP6)	rs136552787	G/A	0,01	0,52	0,64
гистазерин (HSTN)	rs137243785	G/A	0,53	0,29	0,04

P - значение для оценки значимости различия между двумя независимыми группами; Различие значимо при $P < \alpha$, $\alpha = 0,05$

РАЗВЕДЕНИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, ГЕНЕТИКА

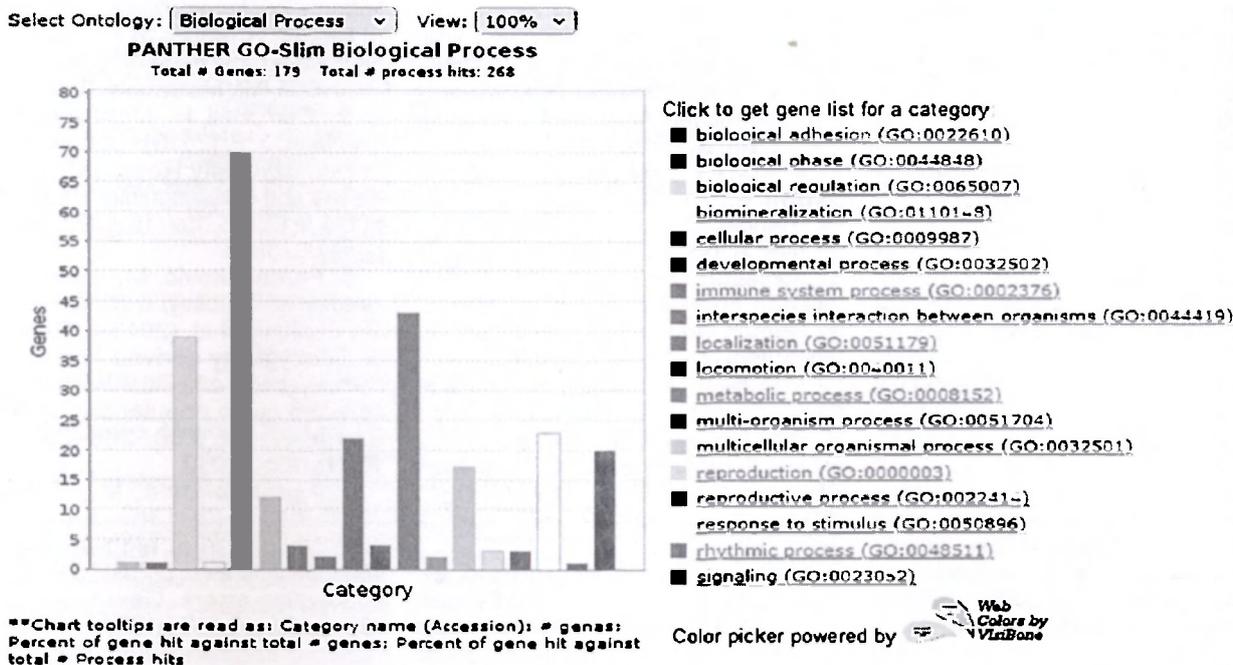


Рис. 1. Распределение фенотипических эффектов генов-кандидатов по признаку участия в различных биологических процессах у крупного рогатого скота казахской белоголовой породы
Distribution of phenotypic effects of candidate genes on the basis of participation in various biological processes in Kazakh White-Headed breed

случае задача решалась путем обнаружения протяженных участков гомозиготности характерных только для казахской белоголовой. В таблице 2 приведен список геномных областей расширенной гомозиготности, обнаруженных у казахской белоголовой породы.

По результатам оценки ROH у казахской белоголовой породы геномные области расширенной гомозиготности, обнаружены в хромосомах 2 (2 участка), 4 (2 участка), 5 (1 участок), 6 (1 участок), 14 (1 участок) и 26 (1 участок).

Частота встречаемости аллелей SNP потенциально-маркирующих признаки мясной продуктивности у животных класса элит и элит-рекорд казахской белоголовой породы приведены в таблице 3.

По данным таблицы можно отметить, что для крупного рогатого скота казахской белоголовой породы отобрано 9 SNP, из которых 3 локализованы в 5' регуляторной области гена, 5 в транскрибируемой области и 1 в 3' регуляторной области гена с аминокислотной заменой в последовательности белка.

Как видно из таблицы 3 в качестве SNP-маркеров повышенной мясной продуктивности у крупного рогатого скота казахской белоголовой породы можно рассматривать: аллель С (rs109910863), аллель А (rs137243785), аллель G (rs110320975) в гене гистазерина (HSTN), аллель С (rs110065568),

аллель А (rs522351439) в гене миостатина (MSTN).

Фенотипические эффекты генов-кандидатов, выявленных по данным ДНК-типирования с помощью SNP-биочипа на признаки мясной продуктивности у крупного рогатого скота казахской белоголовой породы.

Для определения генов-кандидатов, чьи фенотипические эффекты статистически значимо ассоциированы с признаками мясной продуктивности (живая масса в возрасте 12 месяцев) животными с соответствующими генотипами в пределах каждого полиморфизма были объединены в группы, для них были рассчитаны средние значения живой массы и стандартные ошибки (таблица 4).

Сравнение продуктивности в группах проводится относительно продуктивности популяции в целом. Достоверность разницы между показателями живой массы в группах с разными генотипами оценивалась с помощью однофакторного дисперсионного анализа.

Как видно из таблицы 4 статистически значимая разница между гомо- и гетерозиготами наблюдается по rs477350428 – полиморфизму гена центросомального протеина, полиморфизмам rs109910863, rs110320975 и rs137243785 гена гистазерина и rs110065568 гена миостатина.

Результаты оценки фенотипических эффектов гомо- и гетерозигот относительно среднего значения

выборки приведены в таблице 5.

По данным таблицы 5, можно отметить 4 генотипа, маркирующих повышенную и 2 генотипа, маркирующих пониженную мясную продуктивность.

На рисунке 1 представлены результаты оценки распределения фенотипических эффектов генов-кандидатов по признаку участия в различных биологических процессах у крупного рогатого скота казахской белоголовой породы.

Как видно из рисунка 1 у крупного рогатого скота казахской белоголовой породы большая часть генов – кандидатов относится к геномным сетям, регулирующим клеточные процессы (39,1%), репродукцию (21,8%) и метаболические процессы (24,0%). Гены-кандидаты, регулирующие процессы развития составляют 6,7%. Данные гены-кандидаты являются потенциальными породоспецифичными генами-кандидатами для маркирования признаков мясной продуктивности у крупного рогатого скота казахской белоголовой породы.

Закключение. Генотипом-маркером повышенной ЖМ в 12 месяцев является генотип T/C (rs109910863), гена гистазерина (HSTN), который сопровождается аминокислотной заменой Lys107Glu в аминокислотной последовательности белка. Вес животных с генотипом T/C превышает средний по выборке (318) на 31 кг и составляет 349 кг.

Генотипом-маркером повышенной

ЖМ в 12 месяцев является генотип V/G (rs110320975), гена гистазерина (HSTN), который сопровождается аминокислотной заменой Leu249Ser в аминокислотной последовательности белка. Вес животных с генотипом V/G превышает средний по выборке (318) на 29 кг и составляет 347 кг.

Так же генотипом-маркером повышенной ЖМ в 12 месяцев является генотип G/A (rs137243785), гена гистазерина (HSTN), который сопровождается аминокислотной заменой Val71Ile в аминокислотной последовательности белка. Вес животных с генотипом G/A превышает средний по выборке (318) на 23 кг и составляет 341 кг.

Так же генотипом-маркером повышенной ЖМ в 12 месяцев является генотип A/A (rs136552787), гена инсулиноподобный белок, связывающий фактор роста 6 (IGFBP6), который сопровождается аминокислотной заменой His188Tyr в аминокислотной последовательности белка. Вес животных с генотипом A/A превышает средний по выборке (318) на 20 кг и составляет 338 кг.

Генотипом-маркером пониженной ЖМ в 12 месяцев является генотип C (rs110065568), гена миостатина (MSTN), который локализован в 5' регулирующем участке гена миостатина (MSTN). Вес животных с генотипом AC ниже среднего по выборке (318) на 26 кг и составляет 292 кг.

Генотипом-маркером пониженной ЖМ в 12 месяцев является генотип C (rs477350428), гена центрального протеина (CEP), который сопровождается аминокислотной заменой Val1357Ala в аминокислотной последовательности белка. Вес животных с генотипом T/C ниже среднего по выборке (318) на 20 кг и составляет 298 кг.

Литература

1. Даниленко О.В. Научно-практическое обоснование совершенствования племенных и продуктивных качеств крупного рогатого скота аулиекольской породы в условиях северного региона Казахстана // диссертация доктора Сельскохозяйственных наук: 06.02.07 / Даниленко Олег Владимирович; (Место защиты: ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет - МСХА имени К.А. Тимирязева»), 2019. – 364 с.
2. Макаев Ш.А., Нуржанов Б.С., Мин А.В. Отечественная мясная порода – казахская белоголовая // Вестник мясного скотоводства. – 5. - № 4(92). – С. 57-62.
3. Тыngoзиева А.Т. Разработка споров оценки экстерьера племенных коров казахской белоголовой по-

роды и классификация их по типу телосложения // дисс. на соискание ученой степени доктора философии (PhD) 6D080200 ТППЖ. – Казахский Национальный Аграрный Университет, Алматы, 2018. – 110 с.

4. Purcell, S. M., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira, M. A. R., Bender, D., ... Sham, P. C. (2007). PLINK: A tool set for whole - genome association and population - based linkage analyses. American Journal of Human Genetics, 81(3), 559–575. <https://doi.org/10.1086/519795>

5. Kirin, M., McQuillan, R., Franklin, C. S., Campbell, H., McKeigue, P. M., & Wilson, J. F. (2010). Genomic Runs of Homozygosity Record Population History and Consanguinity. PLoS ONE, 5(11), e13996. doi:10.1371/journal.pone.0013996

6. Ferencakovic, M., Hamzic, E., Gredler, B., Solberg, T. R., Klemetsdal, G., Curik, I., et al. (2013a). Estimates of autozygosity derived from runs of homozygosity: empirical evidence from selected cattle populations. J. Anim. Breed. Genet. 130, 286–293. doi: 10.1111/jbg.12012

7. Ferencakovic, M., Solkner, J., Curik, I. (2013b). Estimating autozygosity from high-throughput information: effects of SNP density and genotyping errors. Genet. Sel. Evol. 45, 42. doi: 10.1186/1297-9686-45-42

References

1. Danilenko O.V. Nauchno-prakticheskoye obosnovaniye sovershenstvovaniya plemennykh i produktivnykh kachestv krupnogo rogatogo skota auliyekol'skoy porody v usloviyakh severnogo regiona Kazakhstana // dissertatsiya ... doktora Sel'skokhozyaystvennykh nauk: 06.02.07 / Danilenko Oleg Vladimirovich; (Mesto zashchity: FGBOU VO «Rossiyskiy gosudarstvennyy agrarnyy universitet - MSKHA imeni K.A. Timiryazeva»), 2019. – 364 s.
2. Makayev SH.A., Nurzhanov B.S., Fomin A.V. Otechestvennaya myasnaya poroda – kazakhskaya belogolovaya // Vestnik myasnogo skotovodstva. – 2015. - № 4(92). – S. 57-62.
3. Tyngoziyeva A.T. Razrabotka sposobov otsenki ekster'yera plemennykh bychkov kazakhskoy belogolovoy porody i klassifikatsiya ikh po tipu teloslozheniya // diss. na soiskaniye uchenoy stepeni doktora filosofii (PhD) 6D080200 TPPZH. – Kazakhskiy Natsional'nyy Agrarnyy Universitet, Almaty, 2018. – 110 s.

4. Purcell, S. M., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira, M. A. R., Bender, D., ... Sham, P. C. (2007). PLINK: A tool set for whole - genome association and population - based

linkage analyses. American Journal of Human Genetics, 81(3), 559–575. <https://doi.org/10.1086/519795>

5. Kirin, M., McQuillan, R., Franklin, C. S., Campbell, H., McKeigue, P. M., & Wilson, J. F. (2010). Genomic Runs of Homozygosity Record Population History and Consanguinity. PLoS ONE, 5(11), e13996. doi:10.1371/journal.pone.0013996

6. Ferencakovic, M., Hamzic, E., Gredler, B., Solberg, T. R., Klemetsdal, G., Curik, I., et al. (2013a). Estimates of autozygosity derived from runs of homozygosity: empirical evidence from selected cattle populations. J. Anim. Breed. Genet. 130, 286–293. doi: 10.1111/jbg.12012

7. Ferencakovic, M., Solkner, J., Curik, I. (2013b). Estimating autozygosity from high-throughput information: effects of SNP density and genotyping errors. Genet. Sel. Evol. 45, 42. doi: 10.1186/1297-9686-45-42

Ковальчук Александр Михайлович (ORCID iD 0000-0002-4106-4954), научный сотрудник лаборатории биотехнологии и диагностики инфекционных болезней Испытательного центра, НАО «Западно-Казахстанский аграрный технический университет имени Жангир хана».

Белая Елена Валентиновна (ORCID iD 0000-0003-1786-0341), кандидат биологических наук, доцент кафедры морфологии и физиологии человека и животных, УО "Белорусский государственный педагогический университет имени Максима Танка".

Юлдашбаев Юсупжан Артыкович (ORCID iD 0000-0002-7150-1131) доктор сельскохозяйственных наук, профессор, академик РАН, и.о. директора Института зоотехнии и биологии, ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева».

Бейшова Индира Салтановна (ORCID iD 0000-0001-5293-2190) доктор биологических наук РФ, кандидат сельскохозяйственных наук РК, ассоциированный профессор МОН РК, директор испытательного центра, НАО «Западно-Казахстанский аграрный технический университет имени Жангир хана».