

PREVERITEV POREKLA Z UPORABO GENOMSKIH INFORMACIJ PRI PRAŠIČIH V SLOVENIJI

Suzana KRHLANKO¹, Milena KOVAČ², Anita ULE, Špela MALOVRH

IZVLEČEK

V analizo smo zajeli genomske informacije 2021 vzorcev prašičev iz slovenskih rej z znanimi rodovniki, ki so bili genotipizirani z GGPPorcine80K čipom in GGPPorcine50K čipom. Poreklo smo preverili na maternalnih in terminalne pasmah ter hibridih, vključenih v rejski program SloHibrid, ter krškopoljske prašiče. Za preveritev porekla smo uporabili program AlphaAssign. Nato smo preverili genetske koeficiente sorodstva s funkcijo genome v programu PLINK 1.9, v katerem je pričakovani koeficient sorodstva med posameznikom in njegovim staršem 0,5. Poreklo smo uspeli preveriti v celoti pri slabih dveh petinah genotipiziranih živali, pri katerih smo potrdili oba starša. Pri večini ostalih prašičev pa sta bila zavrnjena oba starša. Očetovstvo ni bilo potrjeno pri desetini vseh prašičev, z znanimi genomskimi informacijami le od očeta. Prav tako nismo morali potrditi starševstva za nekaj več kot desetino prašičev, ki je imelo znane le genomske informacije mater. Rezultati preveritve porekla prikazujejo dosledno beleženje podatkov pri večini izmed pasem. Za ohranjanje pasme je potrebno načrtno parjenje, da se čimbolj izognemo parjenju v sorodstvu in ohranjamo genetsko raznovrstnost populacije. Načrtna parjenja pa so možna le s pravilnimi podatki o starševstvu, zato bomo nadaljevali z genotipizacijo in preveritvijo rodovnika.

Ključne besede: preveritev porekla, prašič, vzreja prašičev

PEDIGREE VERIFICATION USING GENOMIC INFORMATION IN SLOVENIAN PIGS

We included the genomic information of 2,021 samples of pigs from Slovenian farms with known pedigrees, which were genotyped with the GGPPorcine80K chip and the GGPPorcine50K chip. Pigs were mainly from maternal and terminal breeds and hybrids in Slovenia, included in the SloHibrid breeding program and Krškopolje pigs. To assess whether the pedigree data were consistent with the genomically verified pedigree, we used the AlphaAssign program. We also checked the kinship coefficients with the genome function in the PLINK 1.9 program, in which the expected genetic kinship coefficient between an individual and its parent is 0.5. We could confirm the parentage of just under two-fifths of the genotyped animals, in which we confirmed both parents. In most of the other pigs, both parents were rejected. Parentage was not confirmed for a tenth of all pigs, with known genomic information only from the sire. We also did not need to confirm parentage for just over a tenth of the pigs for which only the mothers' genomic information was known. Pedigree results show consistent data recording across most breeds. In order to preserve the breed, planned mating is necessary to avoid inbreeding as much as possible and

¹ dipl. inž. kmet. zoot., Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko, Groblje 3, SI-1230 Domžale, Slovenia

² prof. dr., univ. dipl. inž. zoot., Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko, Groblje 3, SI-1230 Domžale, Slovenia

to preserve the genetic diversity of the population. Planned matings are only possible with correct parentage data so we will continue with genotyping and pedigree verification.

Key words: Parentage test, Pig, Inbreeding, Animal breeding

1 UVOD

Naloga vsakega rejca živali je, da se izogne parjenju sorodnih živali. V majhnih populacijah, med katere prištevamo nukleuse in populacijo avtohtone pasme krškopoljski prašič, moramo biti še posebno pozorni pri izboru staršev. Majhne, razdrobljene in izolirane populacije vodijo do zmanjšane genetske variacije ter povečanega parjenja v sorodstvu ali naključnega toka frekvence genov (ang. *genetic drift*). Pri parjenju v ožjem sorodu se pogosteje pojavljajo negativne posledice inbridinga, ki se kažejo v zmanjšani vitalnosti, slabši preživetveni sposobnosti, lahko pa se v populaciji pojavijo dedne napake, ki se prenašajo z recesivnimi aleli in so lahko tudi usodne. Parjenje v sorodstvu ima za posledico fiksacijo nekaterih alelov (Kardos in sod., 2017). Sklad genov pa se s parjenjem v sorodu osiromaši, kar zmanjšuje genetsko pestrost v populaciji in sposobnost prilagajanja na okolijske spremembe. Pomembno je poudariti tudi, da manjša genetska variabilnost zmanjša možnost selekcije in omeji potencial populacij, da se prilagodi na hitre okolijske spremembe, med katerimi so na primer nove bolezni in klimatske spremembe (Hamilton in Miler, 2016). Povečevanju inbridinga se ponekod, predvsem pa v majhnih zaprtih populacijah, ne moramo izogniti. Poskrbimo lahko, da se inbriding povečuje čim počasneje, kar lahko dosežemo z načrtno odbiro živali in načrtnimi parjenji. Za kar je potrebno, da dosledno vodimo rejsko dokumentacijo. Vsi podatki morajo biti posredovani preko območne selekcijske službe v skupno podatkovno zbirko.

Informacije o sorodstvu so zelo pomembne pri vzreji in ohranjanje živali. Ti odnosi so običajno izraženi s koeficientom sorodstva. Če parimo svinjo in merjasca, ki sta v sorodu, dobimo inbridiranega potomca. Izračun koeficientov sorodstva praviloma opravimo na osnovi porekla iz rejske dokumentacije, torej na rodovniških podatkih. Iz datuma rojstva in ušesne številke pujska poiščemo pujskovo mater in datum njene prasiatve, med pripusti pa se poišče očeta. Kadar rejci pripuste le preračunavajo in pripišejo očeta po spominu, uporabljajo več plemenskih merjascev iz črede ali osemenjevalnega središča, pri zamenjavi merjascev ali pri pripustih, opravljenih v drugih rejah, pogosteje prihaja do napak pri beleženju očetov. Tovrstne napake se lahko odpravijo le, če so podatki v reji pravočasno zapisani, torej ob samem nastanku dogodka, in pravočasno posredovani selekcijski službi.

Izračuni sorodstva so zanesljivi samo v primeru točnih in aktualnih podatkov. Le v takšnih primerih bodo tudi povratne informacije za rejce zanesljive in vam lahko koristijo pri vodenju reje. Ponekod na terenu opazimo primere, kjer je pravilnost porekla živali lahko vprašljiva. V primeru haremskega pripusta, ki ga uporabljajo nekatere reje krškopoljskega prašiča, pripust ni zabeležen, občasno rejci uporabljajo v haremu več merjascev ali pa jih menjajo, tako zabeleženo poreklo potomcev ni zanesljivo. Pride lahko tudi do zamenjave ušesnih številok očetov na dnevnikih pripustov v rejah, kjer imajo več merjascev hkrati ali na isti dan pripuščajo svinje s semenom več merjascev. V kolikor svinje prasijo v skupnih kotcih, so pujski pred označitvijo združeni in so lahko hitro napačno označeni zaradi zamenjave pujskov ali površne preveritve ušesne številke matere. To je le nekaj primerov, zaradi katerih so možne napake v poreklah. Z uporabo genomskih informacij lahko preverimo starševstvo in ugotovimo napake pri vodenju porekla.

Razvoj visoko zmogljivih tehnologij genotipizacije in pridobitev genomskih informacij nam ponuja možnost za ocenjevanje genetskih odnosov ter izračun genomskega koeficienta sorodstva. Genotipizacija s SNP-mikromrežami nam omogoča vpogled v genom osebkov na točno določenih mestih. Na vsakem mestu se določi nukleotid, število mest pa je odvisno od velikosti uporabljenega čipa. Za genomske analize potrebujemo informacije o dednem zapisu živali. DNA se nahaja v vseh celicah v organizmu razen v eritrocitih, torej potrebujemo vzorec tkiva, iz katerega lahko pridobimo DNA. Pri prašičih je najenostavnejše pridobiti tkivo iz uhlja, za kar uporabimo posebne klešče za jemanje vzorcev. S kleščami odščipnemo košček tkiva na ušesu, ki se avtomatsko shrani v vzorčno posodico s konzervansom. Zelo pomembno je, da ob odvzemu tkiva žival identificiramo z ušesno številko ter pravilno označimo vzorec tkiva. V ta namen na poseben obrazec zapišemo ušesno številko živali in oznako vzorčne posodice, ki omogoča sledljivost vzorca tkiva vse od skladiščenja, do laboratorija in na koncu ob prejemu rezultatov genotipizacije. Za večino analiz, ki jih lahko naredimo na genomskih podatkih, je potrebno poznati poreklo živali. Poreklo živali pridobimo iz dokumentacije, ki je shranjena v centralni podatkovni zbirki PiggyBank (Ule in sod., 2015). Iz tkiva v genetskem laboratoriju izolirajo DNA živali in s posebno opremo in SNP-mikromrežami se določijo polimorfna mesta v genomu.

Namen raziskave je predstaviti postopek in rezultate potrditve ali zavrnitve porekla s pomočjo genomskih podatkov pri prašičih iz slovenskih rej. Z genomskimi podatki lahko potrdimo ali ovržemo poreklo, kar nam je v pomoč in spodbudo pri natančnejšem vodenju dokumentacije.

2 MATERIALI IN METODE

V analizo smo vključili 2113 vzorcev tkiv prašičev različnih pasem in izvora, ki so bili zbrani v okviru različnih projektov: projekt EIP Sledljivost porekla pri pasmi krškopoljski prašič 33117-3011/2018/11, Genska banka, projektov raziskovalne skupine na Kmetijskem inštitutu Slovenije, STRP ... Za 1583 prašičev, med katerimi so v večini bili krškopoljski prašiči, nekaj je bilo tudi križancev s komercialnimi pasmami, smo podatke o genomu pridobili iz podatkov genotipizacije s čipom za prašiče GeneSeek Genomic Profiler (GGP) 80K, ki je bila izvedena v firmi Neogen. Na tem čipu smo za posameznega prašiča pridobili približno 80.000 polimorfizmov posameznih nukleotidov (ang. *single nucleotide polymorphism*, SNP), ki so razporejeni po celotnem genomu. Podatke o približno 50.000 SNP-jih smo za preostalih 530 plemenskih prašičev in pitancev sodobnih genotipov smo pridobili iz GGP Porcine50K čipa.

Od vseh prašičev v Sloveniji imamo do sedaj največ odvzetih in analiziranih vzorcev prašičev pasme krškopoljskii prašič (tabela 1), pri katerih smo z analizami začeli v letu 2020 v sklopu projekta EIP Sledljivost porekla pri pasmi krškopoljski prašič 33117-3011/2018/11, v katerem smo z vzorčenjem populacije začeli v letu 2019. Odvzetih je bilo tako čez 1550 vzorcev plemenskih živali, podmladka in pitancev, več kot 100 rej krškopoljskih prašičev. Vzorce starejših plemenskih živali, ki smo jih potrebovali za preveritev porekla, smo pridobili iz zbirke vzorcev na Oddelku za zootehniko. Za razliko od krškopoljskih prašičev pa smo pri sodobnih pasmah in hibridih z genotipizacijo začeli v drugi polovici leta 2021. Do sedaj smo genotipizirali večinoma mladice in merjaščke v preizkusu, ter plemenske živali, ki smo jim odvzeli vzorce v zadnjih letih. Starše nekaterih prašičev smo pridobili iz zbirke vzorcev. Povprečen stalež plemenskih svinj in mladice v letu 2022 v nukleusih v kontroli se giblje med 12 (tabela 1) za populacijo pasme durok do 417 plemenskih svinj v pasme slovenski landras. V populaciji krškopoljskih prašičev je prav

tako v zadnjem letu bilo povprečno 78,1 mladic in 392,0 plemenskih svinj ter povprečno 65,6 plemenskih merjascev. Plemenskih merjascev sodobnih pasem je v rejah v kontroli ter v osemenjevalnih središčih različno. Največ je plemenskih merjascev pasme pietren (57) ter hibrida 54 (19), ki se večinoma uporabljata za tri- ali štiri-pasemsko križanje. Povprečno najmanj čistopasemskih merjascev smo v zadnjem letu imeli v populacijah slovenski landras (2,1), durok (2,4) ter slovenski mesnati landras (3,1).

Tabela 1: Stalež plemenskih živali na kmetijah v kontroli ter število analiz po posameznih pasmah in hibridih

Table 1: Average number of breeding animals on farms in control and number of analyses by individual breeds and hybrids

Pasma ali hibrid/ <i>Breed or Hybrid</i>	Stalež plemenskih črede/ <i>N^o of breeding animals</i>		Znane genomske informacije/ <i>Known genomic information</i>					Štev. živali/ <i>N^o</i>
			Starši					
			Oba/ <i>Both</i>	Oče/ <i>Sire</i>	Mati/ <i>Dam</i>	Neznano/ <i>Unknown</i>		
88	392	65,6	625	204	224	440	1493	
11	417	2,1	4	65	18	131	218	
12	1580	/	0	0	0	13	13	
22	414	12,2	0	0	0	20	20	
21	73	/	0	0	0	0	0	
33	12	2,4	0	0	0	8	8	
43	/	2,2	4	3	0	0	6	
44	47	56,8	2	7	49	83	141	
54	/	19,2	0	3	8	21	32	
55	46	3,1	4	28	15	13	60	
1244	/	/	0	0	0	29	29	
			639	310	307	758	2021	

Informacije o rodovnikih smo pridobili iz podatkovne zbirke PiggyBank (Ule in sod., 2015). Pri pripravi podatkov genotipizacije smo uporabili makroje v sklopu statističnega paketa SAS 9.4. Zaradi velikega niza podatkov o SNP-jih za analizo celotnega genoma na podlagi asociacij je lahko tudi že manjši delež napak za analizo moteč. Pojavijo se lahko lažno pozitivne ali negativne povezave (ang. *false-positive and false-negative*). Da se izognemo takšnim pojavom, moramo na podatkih izvesti več stopenj nadzora kakovosti (ang. *quality control*, QC), pri katerem odstranimo posamezne živali ali SNP-je, ki imajo zelo visoke stopnje napak. S takšnim čiščenjem podatkov se znebimo tistih SNP-jev in živali, ki nam ne bi dosti doprinesli pri genomski analizi. Pri pregledovanju kakovosti genotipov in pregledovanju ter čiščenju podatkov smo uporabili prosto dostopni program PLINK 1.9 (Chang in sod., 2015), pri čemer smo iz podatkov izločili SNP-je z več kot 10 % deležem manjkajočih genotipov, odstranili SNP-je z zelo nizko frekvenco manj pogostega alela v populaciji (ang. *minor allele frequency*, MAF) manjšim od 5 % ter SNP-jev, ki so imeli p-vrednosti po izvedbi testa HW ravnotežja manjše od 0.001. Nekateri prašiči so prav tako imeli slabše prebran genom, zato smo iz podatkov izločili živali, ki so imele pri več kot 20 % SNP-jev neznan informacijo. Po kontroli podatkov je iz prvega sklopa genomske informacije (GGP 80K) za analizo ostalo 40.002 SNP-jev na 1493 vzorcih prašičev (tabela 1). V drugem sklopu analiziranih vzorcev na 50K čipu pa je za analizo sodobnih pasem ostalo 40.669 označevalcev in 530 vzorcev prašičev.

V analizo je bilo tako zajetih 639 prašičev z znanimi genomskimi informacijami obeh staršev (tabela 1). Le očeta smo lahko preverili pri 310 prašičih, mater pa pri 307 prašičih. Pri 758 živalih poreklo ni bilo mogoče preveriti, saj zanje nimamo genotipiziranih staršev ali pa nam podatki o poreklu manjkajo v naši podatkovni zbirki. Med temi prašiči so predvsem starejše živali, pri katerih ni bilo mogoče odvzeti vzorcev, saj niso bile na voljo v zbirki, v rejah pa so že izločene. Te živali lahko vključimo v analize preveritve porekla, v kolikor imamo zanje znano, da so plemenske živali, ali so si sorodne s plemenskimi živalmi, ki so starši prašičev, katerih poreklo preverjamo.

Preveritev porekla je bila izvedena s pomočjo vseh genotipiziranih plemenskih živali, med katere so bili vključeni tudi merjasci iz osemenjevalnih središč. Za preverjanje starševstva smo uporabili algoritem Alpha Assign programske opreme Alpha genes (Whalen in sod., 2019). Preveritev porekla se je izvedla na podlagi metode, ki temelji na verjetnosti, da določi očeta/mater za posameznika iz seznama vseh potencialnih plemenskih genotipiziranih merjascev in svinj. Z uporabo funkcije »genome« v programu PLINK smo v naslednjem koraku pridobili genomske koeficiente sorodstva. Pričakovan koeficient sorodstva na podlagi genomskih informacij med posameznikom in staršem je 0,50, s starim staršem pa 0,25. Koeficient sorodstva med brati in sestrami je bolj variabilni in se giblje na intervalu med 0,40 in 0,60 ali celo več.

3 REZULTATI Z RAZPRAVO

Populacije prašičev v Sloveniji so majhne, zato je potrebno, če želimo populacijo ohraniti in se izogniti negativnim posledicam parjenja v sorodu, zelo natančno in dosledno voditi rodovnike živali. S pomočjo programskih orodij, genotipa staršev in potomca smo preverimo, ali lahko potrdimo, da sta oče in mati, ki ju je rejec navedel v rejski dokumentaciji, pravilna. Od vseh analiziranih živali imamo pri 509 potrjeno starševstvo. Največ preverjenih je krškopoljskih prašičev, katerim smo poreklo potrdili pri 501 prašiču, kar je 80,1 % vseh analiziranih krškopoljskih prašičev s popolnim poreklom. Z zavrnenim očetom je 40 prašičev in predstavlja 6,4 % analiziranih živali s popolnim poreklom. Pri 49 prašičih, kar predstavlja 8,0 % je bil potrjen le oče, mati pa je bila zavrnjena. Starševstvo pa je bilo popolnoma zavrnjeno pri 35 prašičih, kar predstavlja skromnih šest odstotkov vseh analiziranih živali s popolnim poreklom.

V populacijah sodobnih pasem in hibridov je starševstvo bilo potrjeno pri hibridu 43 ter prašičih pasme slovenski mesnati landras. Pri slovenskem landrasu (pasma 11), tako kot pri pietrenu, pa je bil zavrjen oče gnezda, iz katerega izvirajo prašiči. Pri slovenskem mesnatem landrasu imajo zavrnjeno poreklo mladice in izvirajo iz dveh različnih gnezd v isti reji. Iz iste reje izvirata tudi merjasca pasme pietren, katerima je bilo zavrnjeno očetovstvo.

Nekaj več kot 90 % vseh krškopoljskih prašičev, ki so imeli genotipiziranega očeta, je imelo potrjeno očetovstvo. Pri 17 prašičih so bili očeti zavrjnjeni. V rejah krškopoljskih prašičev se svinje večinoma naravno pripušča, nekatere imajo v reji tudi več kot enega merjasca, zato bi lahko kot razlog za napake pripisali neustreznemu zapisu v Dnevnik pripustov. Obstajajo pa tudi sumi, da v nekaterih rejah prihaja do križanja s drugimi pasmami ali hibridi. Pri preveritvi meter je bilo nekoliko več zavrnenih porekel (14 %). Poreklo je bilo zavrnjeno morebiti zaradi neustreznega pripusta, pomešanja pujskov ali pa naselitve drugih prašičev v rejo ter označitev le-teh z ušesnimi značkami, ki so bile namenjene za druge prašiče.

Tabela 2: Preveritev porekla živali s popolno genotipiziranimi starši
Table 2: Parentage verification of pigs with fully genotyped parents

Pasma ali hibrid/ <i>Breed or Hybrid</i>	Potrditev starševstva/ <i>Parentage assessment</i>							
	Potrjeno starševstvo/ <i>Confirmed both</i>		Potrjena mati/ <i>Dam only</i>		Potrjen oče/ <i>Sire only</i>		Zavrnjena oba/ <i>Confirmed none</i>	
	Štev./ <i>N^o</i>	%	Štev./ <i>N^o</i>	%	Štev./ <i>N^o</i>	%	Štev./ <i>N^o</i>	%
88	501	80,2	40	6,4	49	7,8	35	5,6
11	0	0,0	4	100,0	0	0,0	0	0,0
43	4	100,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
44	0	0,0	2	100,0	0	0,0	0	0,0
55	4	100,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Skupaj	509	79,6	46	7,2	49	7,7	35	5,5

Med preverjenimi prašiči pasme slovenski landras (pasma 11) je imelo dve tretjini vseh prašičev potrjenega očeta, pri čemer starševstvo matere ni bilo mogoče preveriti. Tretjina prašičev pasme 11 pa je imela zavrjenega porekla. Zavrnjeno starševstvo je morebiti bilo zaradi zamenjave semena ob osemenjevanju na sami reji, napake pri beleženju pripustov, izključiti pa ne moremo tudi zamenjave semena ob odvzemu le-tega merjascem na osemenjevalnih središčih. Glede na število plemenskih merjascev moramo biti še bolj pozorni, saj lahko pride do nezaželenega parjenja v sorodstvu. Med prašiči pasme slovenski landras, ki smo jim preverjali starševstvo matere, so imeli vsi le-te potrjene. Od sedmih prašičev pasme pietren, ki smo jim preverjali očetovstvo, jih večina (6) ni imela potrjenega porekla. Pri dveh merjascih pasme pietren pa ni bilo mogoče potrditi matere. Potrditev starševstva pa ni bila mogoča tudi pri treh merjascih hibrida 54, pri katerih je bil zavrjen oče, ter enemu, pri katerem je bila zavrnjena mati.

Tabela 3: Preveritev porekla živali z genotipiziranimi le enim od staršev
Table 3: Parentage verification of pigs with known genomic information from one parent

Pasma ali hibrid/ <i>Breed or Hybrid</i>	Potrditev z znanimi genomskimi informacijami le enega starša/ <i>Parentage assessment with known genomic information from one parent</i>			
	Oče/ sire		Mati/Dam	
	Štev. potrjenih/ <i>N^o of confirmed</i>	Štev. zavrjenih/ <i>N^o of rejected</i>	Štev. potrjenih/ <i>N^o of confirmed</i>	Štev. zavrjenih/ <i>N^o of rejected</i>
88	187	17	198	32
11	42	23	18	0
43	3	0	0	0
44	1	6	47	2
54	0	3	7	1
55	28	0	15	0
Skupaj	261	29	285	35

4 ZAKLJUČKI

Poreklo smo uspeli preveriti v celoti pri slabih dveh petinah genotipiziranih živali, pri katerih smo potrdili oba starša. Pri večini ostalih prašičev pa sta bila zavrjena oba starša. Očetovstvo ni bilo potrjeno pri desetini vseh prašičev z znanimi genomskimi informacijami le od očeta. Prav tako nismo morali potrditi starševstva za nekaj več kot desetino prašičev,

ki je imelo znane le genomske informacije mater. Skrbno vodenje rejske dokumentacije je ključnega pomena za spremljanje reje tako na manjših kot na večjih kmetijah.

- Za obstoj in razvoj majhnih populacij je potrebno skrbno načrtovanje parjenja živali, da se v največji meri izognemo parjenju v sorodu in ohranjamo genetsko pestrost populacije.
- V kolikor poreklo živali ni pravilno, je izračun koeficienta sorodstva med živalmi na osnovi porekla, ki so vključene v načrt parjenja, napačen. Sorodstvo med potomcem in starši se lahko preveri z izračunom genetskega koeficienta sorodstva.
- Genotipizacija je omogočila, da lahko preverimo poreklo živali in je iz tega vidika dobrodošla, saj tako zmanjšujemo število napak v poreklu. Z nadaljnjo genotipizacijo plemenskih živali bomo omogočili naključne ali načrtne preveritve porekla. Rezultati preveritve porekla so v spodbudo rejcem in delavcem v selekciji prašičev k natančnejšem beleženju podatkov.

5 LITERATURA

Chang C.C., Chow C.C., Tellier L.C.A.M., Vattikuti S., Purcell S.M., Lee J.J. 2015 Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets, *GigaScience*, 4, 1. <https://doi.org/10.1186/s13742-015-0047-8>.

Feng J., Fu Z., Wang Z., Xu M., Xiaoshuan Z. 2013. Development and evaluation on a RFID-based traceability system for cattle/beef quality safety in China. *Food Control*, 31: 314–325.

Hamilton J. A., Miller J. M. 2016. Adaptive introgression as a re-source for management and genetic conservation in a changing climate. *Conservation Biology*, 30: 33–41

Kardos M., Qvarnström A., Ellegren H. 2017. Inferring individual inbreeding and demographic history from segments of identity by descent in *Ficedula flycatcher* genome sequences. *Genetics*, 205, 3:1319–1334

Kastelic A., Mežan A., Čandek-Potokar M., Malovrh Š., Flisar T., Urankar J., Kovač M. 2019. Rejski program za avtohtono pasmo krškopoljski prašič. Društvo rejcev krškopoljskih prašičev.

Kovač M., Malovrh Š. 2012. Rejski program za prašiče SloHibrid. *Kmetijsko gozdarska zbornica Slovenije*, Ljubljana: 394 str. Dostopno na: https://agri.bf.uni-lj.si/Enota/html/RP/RP_SloHibrid12.pdf

SAS Inst. Inc. 2012- The SAS System for Linux, Release 9.4. Cary, N.C.

Ule I., Malovrh Š., Kovač M. 2015. PiggyBank 3.0: informacijski sistem v prašičereji. [Elektronska izd.]. Domžale, Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za zootehniko.

ULRS 2013. Pravilnik o identifikaciji in registraciji prašičev. Ur.l. RS št. 112-4288/2013.

Whalen A., Gorjanc G., Hickey J.M. 2019. Parentage assignment with genotyping-by-sequencing data. *J. Anim. Breed. Genet.*, 136: 102–112.