

ЯЗЫК ПРОГРАММИРОВАНИЯ R КАК ИНСТРУМЕНТ ДЛЯ РАСЧЁТА ПЛЕМЕННОЙ ЦЕННОСТИ ЖИВОТНЫХ

¹Калашников А.Е., ²Гостева Е.Р.

¹ВНИИ племенного дела Министерства сельского хозяйства, Москва;

²НИИ сельского хозяйства Юго-Востока, Саратов, Российская Федерация

Современные языки программирования используются для решения статистических задач при оценке племенной ценности животных и в генетических расчётах при полногеномном сканировании. Общепринятым методом оценки племенного материала является метод линейного прогнозирования племенной ценности (BLUP). Реализация успешной экономической модели продаж племенного материала в условиях острой конкуренции на мировом рынке невозможна без использования современных и общепринятых на мировом рынке систем селекции и оценки племенной ценности скота. В данной работе, имеющей характер введения в проблему, представлен пример того, как можно при помощи языка программирования R рассчитать племенную ценность бычков мясной породы в зависимости от эффекта пола, влияющего на их продуктивность. Это распространенный и бесплатный язык, который создан специально для статистических расчетов в биологии и экономике, и на нём легко создавать алгоритмы и программные средства. Представленный пример программы является классическим и может быть расширен и применён для любых других задач расчёта племенной ценности животных, а также при экологической оценке популяций. Представленный алгоритм является примером, который можно использовать для обучения студентов, аспирантов и научных сотрудников в рамках курсов повышения квалификации, в плане единой национальной системы обучения по специальностям «Зоотехния» и «Генетика, селекция и воспроизводство», а также других специальностей биологического направления.

Ключевые слова: генетика животных, племенная ценность животных, линейные модели, BLUP, язык программирования R

Проблемы биологии продуктивных животных, 2019, 3: 106-113

Введение

Интенсификация животноводства повышает роль селекции в совершенствовании животных существующих пород и требует применения современных, более совершенных методов математической статистики и моделирования. Современные методы статистического анализа применяются в процессах селекции и планах племенной работы, в которых используются не только данные по аддитивной наследственности, но и комбинационный эффект генотипов в результате правильного подбора пар (Mrode et al., 2019; Strandén et al., 2019). Традиционная система массовой селекции по фенотипу должна сопровождаться более углубленной оценкой генотипа, повышением роли индивидуального подбора и обоснования сочетаемости пар оценкой племенной ценности линейными методами (Falconer, Mackay, 1996).

Цель данной работы – представление программы расчёта племенной ценности животного в модели линейного программирования BLUP на основе языка R. Программа даёт возможность работы без установки платных программных пакетов, с учётом будущего

масштабирования расчётов на поголовье и использования серверных мощностей университетов. Для достижения этой цели приводится описание и реализация логической структуры расчётов с использованием программного кода на языке R, доступном для любой ОС ПК.

Материал и методы

Программирование на языке R (Mrode et al., 2019), предназначенном для статистической обработки данных, графической интерпретации, генетических исследований и количественной генетики осуществлено в среде с открытым исходным кодом.

Язык R ранее создавался сотрудниками статистического факультета Оклендского университета и в настоящее время поддерживается организацией R_foundation (<https://goo.gl/LYUhjc>). Среда программирования реализована на платформе ОС Linux/Ubuntu. Расчёт осуществляли в среде R версии 3.4.4 (2018-03-15), ОС Ubuntu 18.04.2 LTS.

Для расчётов использованы данные из примера родословной (Mrode et al., 2014), в которой показан сценарий разведения мясного скота для восьми животных, пять из которых имеют записи о фенотипах (прирост живой массы до отъёма), а для трех особей нет записей, но они связаны между собой по родословной.

Результаты и обсуждение

В современном животноводстве при планировании процессов селекции язык R, наравне с Fortran (Druet, Ducrocq, 2006), C++ (Falconer, Mackay, 1996) SAS (Goldberger, 1962) является «золотым стандартом» (Henderson, 1949; Montana, 2019) для реализации программирования и выполнения расчётов по математической статистике и биометрии.

Для работы в среде программирования R использована командная строка (Henderson, 1950, 1963) и дополнительно применён визуализатор интерфейса: R Commander (<https://goo.gl/d6naTv>), аналоги RKWard (<https://rkward.kde.org/>), Rstudio (Henderson, 1963; <https://goo.gl/hcKttP>), Weka (<https://goo.gl/5tihYF>), Rapid Miner (<https://docs.rapidminer.com/>), KNIME (www.bioconductor.org), SciViews (<http://www.sciviews.org/>), StatisticalLab (<http://www.statistiklabor.de/>), Rattle togaware (<https://rattle.togaware.com/>), SciLAB (<https://www.scilab.org/>); дополнительные пакеты распространяются через CRAN (<https://www.r-project.org/>; <https://goo.gl/KdRpzn>).

Язык R поддерживает пакеты программ. Пакеты представляют собой библиотеки для работы и представлены в двух депозитариях — CRAN (R CRAN Task views) и Bioconductor (<https://www.r-project.org/>, <https://goo.gl/KdRpzn>; www.bioconductor.org) В CRAN депозитории сложены в разделе {OfficialStatistics} (<https://www.r-project.org/>, <https://goo.gl/KdRpzn>), средства импорта/экспорта данных – в пакетах SPSS/SAS/Stata, генетическая статистика для работы с генотипами, SNP, ассоциативными исследованиями и другие алгоритмы анализа генетических данных – в {Genetics} (<https://isocpp.org/>, <https://goo.gl/QHR1BG>).

В статье приведено лишь краткое описание биометрических моделей, в частности, в мясном скотоводстве – это модель животного (BLUP Animal Model, наилучший линейный несмещённый прогноз для отдельного животного) (Henderson, 1950; Goldberger, 1962). С помощью этой модели рассчитывают генетические параметры, аддитивные/селекционные, доминантные ковариансы, коэффициенты наследуемости, генетические корреляции и пр. В статье представлен пример из книги (Mrode, 2014), и все полученные числовые значения соответствуют данному примеру.

Данная статья имеет характер введения в предмет и ориентирована на повышение квалификации широкого круга исследователей. При этом не ставилось целью получение результатов для представительной выборки животных, но приведен пример формирования структуры программ, использующих методологию расчёта BLUP. В научном сообществе используется множество других программ расчёта племенной ценности (ASReml, BGF90, BLUPf90, REMLf90, DFREML, DMU, MATVEC, PEST/VCE и WOMBAT и пр.), решающих

представленные здесь задачи, связанные с матричными линейными моделями, с которыми следует ознакомиться, прежде чем придумывать какие-либо алгоритмы заново в R (Druet, 2006).

В настоящее время нет опубликованных рабочих программ для расчёта BLUP, находящихся в открытом доступе и не закрытых коммерческой тайной, а также программ, написанных в R, которые могли бы служить образовательным целям. В настоящее время программирование и оценка животных с применением алгоритмов BLUP осуществляется федеральными научными организациями ВНИИплем, ВИЖ им. Л.К. Эрнста, а также коммерческими организациями ООО «Мой-Ген», «Селекс», «1С» и др., а программный код в используемых ими программных средствах представляет коммерческую тайну. Нашей целью было показать структуру таких программ, являющейся общей, с целью обучения студентов и специалистов написанию алгоритмов BLUP, а также формированию мировоззрения и получения знаний, достаточных для того, чтобы использовать готовые альтернативные бесплатные продукты.

Вкратце модель индивидуума в матричном выражении имеет вид линейной модели:

$$\hat{y} = X\hat{b} + Z\hat{u} + \hat{e} \quad (1)$$

где $\hat{y}$ – вектор величин показателей фенотипа, $\hat{b}$ и $\hat{u}$ являются векторами неизвестных параметров для фиксированных и рандомизированных (случайных) эффектов, в то время как X и Z представляют собой соответствующие матрицы измеренных в изучаемой выборке величин, а $\hat{e}$ – вектор остаточной неучтённой ошибки.

Если предположить, что $\hat{y}$ представлен нормальным распределением, то можно принять следующие допущения:

$$\begin{pmatrix} \hat{y} \\ \hat{u} \\ \hat{e} \end{pmatrix} \approx N \begin{pmatrix} Xb & V & ZG & R \\ 0 & GZ & G & 0 \\ 0 & R & 0 & R \end{pmatrix}, V = ZGZ' + R \quad (2)$$

Генетический аспект этой простой линейной смешанной модели состоит в том, что здесь представлена характеристика матрицы ковариации между элементами вектора $\hat{u}$, которая обычно представляет собой сумму аддитивных эффектов генов индивидуумов в родословной. Для одномерной модели ковариационная матрица может быть записана как $G = A\sigma u^2$, где A – матрица взаимоотношений аддитив/нумератор (Wright, 1922), а σu^2 – аддитивная генетическая дисперсия (Falconer, Mackay, 1996).

Изначально необходимо сформировать уравнения смешанной модели (MME) (mixed model equations). Здесь решения для вектора $\hat{b}$, то есть (E)BLUE и вектора $\hat{u}$ (E)BLUP могут быть получены согласно (Henderson, 1949; Goldberger, 1962; Henderson et al., 1963).

$$\hat{b} = (XV^{-1}X)X'V^{-1}\hat{y} \quad \text{и} \quad \hat{u} = GZ'V^{-1}(\hat{y} - X\hat{b}) \quad (3)$$

Правда, в случае большого количества записей, размер матрицы V огромен, и её инверсия может быть если не затруднена, то вообще невозможна (Henderson, 1950; Кузнецов, 1987). Эта проблема решается при помощи уравнений смешанной модели и приёмов их решения:

$$\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R^{-1} & \hat{y} \\ Z'R^{-1} & \hat{y} \end{pmatrix} \quad (4)$$

Вначале в программе формируется таблица исходных данных:

```
> library (GeneticsPed)
> data(Mrode3.1)
> (x <- Pedigree(x=Mrode 3.1, subject="calf", ascendant=c("sire", "dam"),
+               ascendantSex=c("Male", "Female"), sex="sex"))
```

Calf	sex	sire	dam	pwg	
1	S4	Male	S1	<NA>	4.5
2	S5	Female	S3	S2	2.9
3	S6	Female	S1	S2	3.9
4	S7	Male	S4	S5	3.5
5	S8	Male	S3	S6	5.0

После этого создаётся модель, которая в каждом отдельном случае описывает формирование величины измеряемого признака в условиях эксперимента (содержания скота). Для примера применена следующая самая простая модель BLUP:

$$y_{ij} = s_i + a_j + e_{ij} \quad (5)$$

Формируется левая сторона (LHS) ММЕ без G-1:

```
> LHS <- rbind(cbind(t(X) %*% X, t(X) %*% Z),
+             cbind(t(Z) %*% X, t(Z) %*% Z))
> ## or more efficiently
> (LHS <- rbind(cbind(crossprod(X), crossprod(X,Z)),
+             cbind(crossprod(Z, X), crossprod(Z))))
> LHS <- rbind(cbind(t(X) %*% X, t(X) %*% Z),
+             cbind(t(Z) %*% X, t(Z) %*% Z))
> ## or more efficiently
> (LHS <- rbind(cbind(crossprod(X), crossprod(X,Z)),
+             cbind(crossprod(Z, X), crossprod(Z))))
```

Затем добавляется матрица G-1, которая в данном случае представляет собой $A^{-1}\alpha$, и

$$\alpha = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{40}{20} = 2 \quad (6)$$

В программе это выглядит так:

```
> ## We want Ainv for all individuals in the pedigree not only individuals
> ## with records
> <- extend(x)
> Ainv <- inverseAdditive(x=x)
> sigma2a <- 20
> sigma2e <- 40
> alpha <- sigma2e / sigma2a
> q <- nIndividual(x)
> p <- nrow(LHS) - q
> (LHS[p+1):(p+q), (p+1):(p+q)] <-
+ LHS[(p+1):(p+q), (p+1):(p+q)] + Ainv*alpha
```

	S2	S1	S3	S4	S5	S6	S7	S8
S2	4	1.000000	1	0.000000	-2	-2	0	0
S1	1	3.666667	0	-1.333333	0	-2	0	0
S3	1	0.000000	4	0.000000	-2	1	0	-2
S4	0	-1.333333	0	4.666667	1	0	-2	0
S5	-2	0.000000	-2	1.000000	6	0	-2	0
S6	-2	-2.000000	1	0.000000	0	6	0	-2
S7	0	0.000000	0	-2.000000	-2	0	5	0
S8	0	0.000000	-2	0.000000	0	-2	0	5

Правая сторона (RHS) ММЕ решается следующим образом:

```
> RHS <- rbind(t(X) %*% y,
+             t(Z) %*% y)
> ## or more efficiently
> RHS <- rbind(crossprod(X, y),
+             crossprod(Z, y))
> t(RHS)
```

X\$sexFemale	x\$sexMale	S2	S1	S3	S4	S5	S6	S7	S8
[1,]	6.8	13	0	0	0	4.5	2.9	3.9	3.5
									5

После этого проводится этап решения созданной модели. В программе это выглядит следующим образом:

```
> sol <- solve(LHS) %*% RHS
> ## or more efficiently
> sol <- solve(LHS, RHS)
> t(sol)

X$sexFemale x$sexMale S2 S1 S3 S4 S5 S6 S7 S8
[1,] 3.40443 4.358502 -0.0127701 0.09844458 -0.0410842 -0.008663123 -0.1857321
0.1768721 -0.2494586 0.1826147
```

В целом, здесь представлены этапы вычислений по модели BLUP, изложенных для ознакомления со способом конструирования программы посредством языка R, FORTRAN и ASSEMBLER; подробности можно найти в литературе, в особенности в работах (Кузнецов, 1987; Mrode, 2014; Mrode et al., 2019).

Заключение

Рассмотренный пример использования языка R для расчётов по BLUP и линейной модели индивидуального животного (BLUP Animal Model) может быть использован как часть программного кода в системах автоматизации и периодической оценки племенной ценности в научно-исследовательских и прикладных задачах. Применение свободных языков позволит реализовать их распространение при реализации магистерских дипломных работ, а также создавать учебные программы по генетическим исследованиям на современном уровне, адаптируясь в университетской среде вычислений SAS/R/Fortran/C++ на уровне лучших университетов. Формирование курсов обучения программированию позволит студентам и научным сотрудникам по генетике и биологии участвовать в Международных конференциях без сложностей адаптации к современной тематике исследований.

REFERENCES

1. Akinshin A. *Shpargalka po yazyku R* (Cheat sheet for language R). 2013 <<https://goo.gl/hcKttP>> (In Russian)
2. Albucrek F. Rstudio software. 2019 <<https://www.rstudio.com>>
3. Bates D. R-cran Foundation. 2019 <<https://goo.gl/LYUhcj>>
4. Bifet A. Weka software. 2018 <<https://goo.gl/5tihYF>>
5. Druet T., Ducrocq V. Innovations in software packages in quantitative genetics. In: *8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Belo Horizonte, 2006, P. 10-27.
6. Falconer D.S., Mackay T.F.C. *Introduction to Quantitative Genetics*. Pearson-Longman, Essex, U.K., 1996, 480 p.
7. Fox J.R. Commander software. 2017 <<https://goo.gl/d6naTv>>
8. Friedrichsmeier T. RKWard software. 2018 <<https://rkward.kde.org/>>
9. Gentieman R. KNIME software. 2019 <www.bioconductor.org>
10. Goldberger A.S. Best linear unbiased prediction in the generalized linear regression model. *J. Amer. Stat. Association*. 1962, 57(6): 369-375.
11. Gran R. R programming language. 2019 <<https://goo.gl/dKGHZM>>
12. Grosjean P. SciViews software. 2019 <<http://www.sciviews.org/>>
13. Henderson C.R. Estimation of changes in herd environment. *J. Dairy Sci.* 1949, 32: 709.
14. Henderson C.R. Estimation of genetic parameters. *Ann. Math. Statistics*. 1950, 9: 309-310.

15. Henderson C.R., Robinson H.F., Hanson W.D. Selection index and expected genetic advance. In: *Statistical genetics and plant breeding*. Washington: National academy of sciences and national research council Publ., 1963, 982, 141-163.
16. Hunniger D C++ program software. 2012 <<https://goo.gl/H6VDxy>>
17. Kuznetsov V.M., Shestipero A.A., Egorova V.N. *Metodicheskie rekomendatsii po ispol'zovaniyu metoda BLUP dlya otsenki plemennoi tsennosti bykov-proizvoditelei* (Guidelines for using BLUP method to assess the breeding value of bulls). Pushkin, Leningrad oblast: Institute of Animal Breeding and Genetics Publ., 69 p. (In Russian)
18. Montana G. ISO in programming. 2019. Washington C++ software developer community. 2019 <<https://isocpp.org/>, <https://goo.gl/QHR1BG>>
19. Mrode R.A. *Linear models for the prediction of animal breeding values*. Wallingford: CAB International Publ., 2014, 360 p. <<https://www.amazon.com/Linear-Models-Prediction-Animal-Breeding/dp/1845939816>>
20. Mrode R., Ojango J.M.K., Okeyo A.M., Mwacharo J.M. Genomic selection and use of molecular tools in breeding programs for indigenous and crossbred cattle in developing countries: current status and future prospects. *Front Genetics*. 2019, 9, 694. <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/30687382?report=docsum&format=text>>
21. Phigs C. Fortran program software. 1990 <<https://goo.gl/MjiXmQ>>
22. Rouvray A. SciLAB software. 2019 <<https://www.scilab.org/>>
23. Schlittgen R. StatisticalLab software. 2009 <<http://www.statistiklabor.de/>>
24. Strandén I., Kantanen J., Russo I., Orozco-terWengel P., Bruford M.W. Genomic selection strategies for breeding adaptation and production in dairy cattle under climate change. *Heredity*. 2019, 123(3): 1365-2540.
25. Susan J. SAS foundation. 2019 <<https://www.sas.com/>>
26. Templ M. CRAN software association. 2019 <<https://www.r-project.org/>, <https://goo.gl/KdRpzn>>
27. Williams G. *Data mining with Rattle and R: The art of excavating data or knowledge discovery (Use R!)*. Springer Publ., 2011, 396 p. <<https://rattle.togaware.com/>>
<https://www.amazon.com/gp/product/1441998896/ref=as_li_qf_sp_asin_tl?ie=UTF8&tag=togaware-20&linkCode=as2&camp=217145&creative=399373&creativeASIN=1441998896>
28. Wright S. Coefficients of inbreeding and relationship. *Amer. Nature*. 1922, 56: 330-333.

Programming language R as a tool for calculating the breeding value of animals

¹Kalashnikov A.E., ²Gosteva E.R.

¹*Institute of Animal Breeding, Ministry of Agriculture, Moscow, Russian Federation*

²*Agricultural Research Institute for South-East Region, Saratov, Russian Federation*

ABSTRACT. Modern programming languages are used to solve statistical problems in assessing the breeding value of animals and in genetic calculations for genome-wide scanning. A common method for evaluating breeding material is the linear breeding forecasting method (BLUP). The implementation of a successful economic model for the sale of breeding material in the face of intense competition in the world market is impossible without the use of modern and generally accepted in the world market systems for breeding and assessing breeding value of livestock. This paper, which has the character of introducing the problem, presents an example of how to use the programming language R to calculate the breeding value of beef bulls depending on the effect of sex that affects their productivity. This is a common and free language that was created specifically for statistical calculations in biology and economics, and it is easy to create algorithms and software on it. The presented example of the program is classical and can be expanded and applied to any other tasks of calculating the breeding value of animals, as well as in the environmental assessment of populations. The presented algorithm is an example that can be used to educate students, graduate students and researchers in the framework of training courses and in a unified national education system in the field of "Zootechny", "Genetics, Selection and Reproduction", as well as in other biological specialties.

Keywords: animal genetics, breeding value of animals, linear models, BLUP, programming language R

Problemy biologii productivnykh zhivotnykh - Problems of Productive Animal Biology, 2019, 3: 106-113

Поступило в редакцию: 23.07.2019

Получено после доработки: 02.09.2019

Калашников Александр Евгеньевич, к.б.н., тел.: +7(495)515-95-57;

aekalashnikov@yandex.ru;

Гостева Екатерина Ряшитовна, к.с.-х.н., в.н.с., тел.: 8(8452)64-76-88; ekagosteva@yandex.ru

ИНСТРУКЦИЯ ПО СОСТАВЛЕНИЮ РЕФЕРАТА

Реферат – текст, воспроизводящий в краткой форме основную научную информацию, приведенную в статье и предоставляющий возможность определить, насколько необходимо обратиться к первоисточнику. Реферат не должен быть составлен в виде расширенной аннотации, сообщающей, о чем говорится в статье, но он должен раскрыть, что именно изложено в ней. Заглавие статьи не должно повторяться в начальной части реферата. Необходимо привести краткое описание объекта, схемы проведения опыта, численности опытных групп, применяемые дозировки и другие сведения по методике проведенного исследования, а также численные данные по основным полученным результатам с оценкой их статистической значимости.

Результаты работы описывают предельно точно и информативно. В тексте реферата на английском языке следует применять терминологию, характерную для иностранных специальных текстов, с использованием англоязычных словарных оборотов и терминов, специфических для данной научной дисциплины и производственной отрасли. Следует избегать употребления терминов, являющихся прямой калькой русскоязычных терминов. Текст реферата должен быть лаконичен и чётко, свободен от второстепенной информации, отличаться убедительностью формулировок.

В конце реферата желательно привести выводы. Для проблемных и обзорных статей необходимо дать информацию по обоснованию постановки проблемы, привести основные рубрики (подразделы) статьи и сформулировать позицию авторов, желательно с привлечением данных собственных исследований. Объём реферата прямо не зависит от объема статьи, он определяется ценностью и новизной информации и в среднем должен включать 300-350 слов.

Опыт показывает, что самое сложное при подготовке реферата – представить кратко и лаконично результаты своей работы. Одним из проверенных вариантов является краткое повторение в нем структуры статьи, включая введение, описание схемы эксперимента, методы, результаты, заключение.

ЭТИКА ПУБЛИКАЦИЙ

Автору. При подаче рукописи в журнал автор гарантирует, что рукопись является оригинальной работой, не была опубликована ранее, а авторство не принадлежащих ему идей или научных положений в рукописи оформлено путем соответствующих ссылок и (или) цитат.

Автор не должен публиковать идентичные тексты с описанием одного и того же исследования в нескольких журналах или издательствах. Подобное дублирование рассматривается как нарушение публикационной этики и обнаружение этого факта может стать основанием для отказа в публикации.

Авторы рукописей, в которых сообщается о результатах проведенных экспериментальных исследований, должны представить цельное описание полученного факта, имеющего научное и практическое значение. Не допускается искусственная фрагментация полученных материалов с целью увеличить количество статей. Рукопись должна содержать описание условий проведения исследования и применяемых методов в объёме, достаточном для того, чтобы воспроизвести данную работу. В случае если в рукописи сообщается о фирменных продуктах, авторы должны указать характер потенциального конфликта интересов. В рукописи необходимо также перечислить основные и дополнительные источники финансирования данной работы.

Автор, представляющий статью к публикации, должен обеспечить включение в статью существенных соавторов и исключение несущественных; все перечисленные соавторы должны быть ознакомлены с окончательной версией статьи, одобрить ее и дать согласие на ее публикацию. Все сотрудники, чьё участие было косвенным или ограниченным (например, проверившие рукопись руководители или коллеги, а также представители администрации)

могут быть названы в разделе «Благодарности» в конце статьи перед списком использованной литературы. Не допускается включение в состав авторов иных лиц, в том числе с целью облегчить получение финансовой поддержки.

Рецензенту. Рецензия должна быть основана на оценке качества работы, на неё не должны влиять какие-либо личные, финансовые или иные соображения, а также интеллектуальные пристрастия; рецензент не должен обращаться напрямую к авторам, без предварительного разрешения журнала. Рецензент не должен принимать статью на рецензирование, если он не считает себя достаточно компетентным в данной области.

При подготовке рецензии необходимо быть как можно более объективным; недопустимы унижительные персональные комментарии или безосновательные обвинения. Рецензенты должны обосновывать свои критические замечания, в том числе, с целью помочь редактору сформировать правильные оценки и заключения. Они также должны всегда пытаться сформировать конструктивную обратную связь с целью помочь авторам улучшить их работу, даже если она пока не заслуживает публикации. При обосновании своей позиции рецензент должен приводить ссылки на соответствующие опубликованные работы.

Редактору. Главный редактор несёт всю ответственность за принятие решения о публикации статьи; это решение должно быть основано на оценке значимости статьи, её соответствии направлениям журнала и всем юридическим требованиям. При принятии решения о публикации главный редактор должен учитывать мнение членов редакционной коллегии и рецензентов.

Редакторы должны подчиняться закону о сохранении конфиденциальности в той юрисдикции, к которой они относятся. Кроме того, в любом случае они должны всегда защищать конфиденциальность индивидуальной информации, полученной авторами в ходе исследований и другой профессиональной деятельности. Редакторы должны стараться получить подтверждения, что этические аспекты публикуемых исследований были одобрены соответствующим органом (например, комитетом по этическим исследованиям или наблюдательным советом учреждения, если таковой существует).

Редакторы должны внимательно относиться к вопросам, касающимся интеллектуальной собственности, и взаимодействовать с издателем при урегулировании случаев возможных нарушений законов и соглашений об охране интеллектуальной собственности.

Редакторы должны поощрять и с готовностью рассматривать обоснованную критику работ, публикуемых в их журнале. Авторы критикуемых материалов должны иметь возможность ответить на критику. Работы, сообщающие только об отрицательных результатах, также могут публиковаться. При обнаружении ошибок или необоснованных данных в опубликованной статье редакторы должны опубликовать исправления или инициировать процедуру отзыва статьи.

Редакторы в своей деятельности руководствуются рекомендациями Международного Комитета по этике научных публикаций (COPE). Редакторы согласны тесно сотрудничать с научными организациями и журналами в соответствии с рекомендациями COPE по интеграции стандартов научных исследований.

Сопроводительное письмо <Для авторов>

В редакцию журнала «Проблемы биологии продуктивных животных»

Направляем для рассмотрения и опубликования нашу статью: _____

Настоящим письмом гарантируем, что размещение этой статьи в научном журнале «Проблемы биологии продуктивных животных» не нарушает ничьих авторских прав. Авторы также гарантируют, что статья содержит все предусмотренные действующим законодательством об авторском праве ссылки на цитируемых авторов и издания, а также используемые в статье результаты и факты, полученные другими авторами или организациями. Автор несет ответственность за научное содержание статьи и гарантирует оригинальность представляемого материала. Статья не включает материалы, не подлежащие опубликованию в открытой печати в соответствии с действующими нормативными актами.

Авторы передают на неограниченный срок редакции журнала неисключительные права на использование указанной научной статьи посредством ее воспроизведения, распространения, использования целиком или фрагментарно, в сочетании с любым текстом, фотографиями, рисунками, в том числе на размещение, воспроизведение и распространение в сети Интернет. Авторы согласны в целях опубликования представленной статьи в журнале «Проблемы биологии продуктивных животных» на обработку своих персональных данных:

<ФИО полное, уч. звание, должность, почтовый адрес, телефон и E.mail.>

Авторы подтверждают, что направляемая статья нигде ранее не была опубликована, не направлялась и не будет направляться в другие научные издания без уведомления об этом редакции научного журнала «Проблемы биологии продуктивных животных». Также удостоверяем, что авторы научной статьи согласны с правилами подготовки рукописи к изданию, утвержденными редакцией научного журнала «Проблемы биологии продуктивных животных».

Подписи авторов статьи

Согласовано: _____ / Руководитель организации...../

Или: Подпись автора(ов) заверяю: _____

Научно-теоретический журнал
«Проблемы биологии продуктивных животных»
выходит ежеквартально

Стоимость подписки за номер – 330 руб.

Стоимость подписки на полугодие – 660 руб.

Подписка на 2019 год принимается всеми отделениями агентства Роспечать.

Подписной индекс – 82160 в каталоге агентства Роспечать "Журналы России"

Подписку и приобретение отдельных номеров
можно также оформить через редакцию, выслав копию квитанции
о перечислении денег по реквизитам:

Юридический адрес: 249013, Калужская область, г. Боровск, п. Институт

ИНН 5074000646 КПП 400343001

УФК по Калужской области (ВНИИФБиП л/с 20376Н41110)

ОТДЕЛЕНИЕ КАЛУГА г. КАЛУГА

Р/счет:40501810600002000001 БИК 042908001 Л/с 20376Н41110

ОГРН 1035011450913 ОКПО 19082288 ОКТМО 29606101 ОКВЭД 72.19.9

Стоимость пересылки входит в стоимость журнала.

Отправку вышедших номеров редакция гарантирует.

Телефоны редакции: (48438) 4-30-26, 8(961) 124-31-10

**Журнал «ПРОБЛЕМЫ БИОЛОГИИ ПРОДУКТИВНЫХ ЖИВОТНЫХ»
№ 3(49), 2019**

Учредитель: Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста»

Главный редактор Г.Г. Черепанов

Дата выхода в свет: 28.09.2019

Индекс для подписки: 82160

Тираж 100 экз.

Цена свободная

Адрес редакции и издателя: 249013, Калужская область, г. Боровск, пос. Институт (ВНИИФБиП)

Отпечатано с готового оригинала-макета в типографии «Оптима Пресс», г. Обнинск, Гурьянова, д. 21

Средство массовой информации «Проблемы биологии продуктивных животных» включено в реестр СМИ, зарегистрированных Федеральной службой по надзору в сфере связи, информационных технологий и массовых коммуникаций (РОСКОМНАДЗОР), рег. номер ПИ № ФС77-75487 от 05 апреля 2019 г.