

<https://doi.org/10.30766/2072-9081.2026.27.1.140-153>

УДК 636.4:636.082

## Определение породоспецифичных SNP для генетической оценки дифференциации коммерческих пород свиней

© 2026. Т. С. Романец<sup>✉1</sup>, С. Ю. Бакоев<sup>2</sup>, Е. А. Романец<sup>1</sup>, М. А. Колосова<sup>1</sup>, О. Н. Луконина<sup>2</sup>, Н. В. Башмакова<sup>2</sup>, В. Ф. Ахмедли<sup>2</sup>, Л. В. Гетманцева<sup>2</sup>

<sup>1</sup>ФГБОУ ВО «Донской государственный аграрный университет», пос. Персиановский, Ростовская область, Российская Федерация,

<sup>2</sup>ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела», п. Лесные Поляны, Московская область, Российская Федерация

*Выявление специфических генетических маркеров, определяющих межпородные различия и «подписи селекции» в коммерческих породах свиней, позволит разработать более эффективные стратегии направленной селекции и улучшения генетического потенциала животных. Цель исследований – анализ полногеномных данных пяти коммерческих пород свиней с использованием метода индексной фиксации (FST) для выявления маркеров, характеризующих межпородную дифференциацию, а также оценка внутривидовой стратификации, обусловленной селекционным отбором. Особое внимание уделено выявлению потенциальных «подписей селекции», специфичных для каждой из пород. Проведена оценка генетической дифференциации между коммерческими породами свиней (дюрок, беркшир, пьетрен, гемпшир, ландрас) с использованием FST, рассчитанного на основе данных полногеномного секвенирования по однонуклеотидным полиморфизмам (SNP). Установлен умеренный уровень межпородных различий с наибольшими значениями FST для пар дюрок – беркшир (0,19), дюрок – пьетрен (0,18) и дюрок – ландрас (0,17); наименьшие различия отмечены между парой пьетрен – ландрас (0,14). Анализ распределения FST по геному позволил выделить высокодифференцированные SNP (выше 99-го квантиля), число которых варьировало от 126 до 167. Наибольшее их скопление зафиксировано на хромосомах SSC1, SSC13, SSC4 и SSC6, что указывает на наличие селективных «горячих точек», вероятно вовлечённых в регуляцию продуктивных и адаптивных признаков. Установлен ряд SNP, демонстрирующих повторяемость в нескольких межпородных сравнениях, что подчёркивает их породную специфичность и потенциальную функциональную значимость. Функциональная аннотация показала, что эти SNP локализованы в пределах генов, включая PCDHB7 и PPP2R2B, характеризующихся тканеспецифичной экспрессией в мышечной и жировой тканях, и вовлечённых в регуляцию метаболических процессов. Особый интерес представляет SNP ASGA0079413 в области гена TFEC, обнаруженный у породы ландрас. Учитывая его роль в дифференцировке пигментных клеток, предполагается его участие в формировании белой масти и в иммунных, и метаболических функциях.*

**Ключевые слова:** полногеномный анализ, FST, «подписи селекции», дюрок, беркшир, пьетрен, гемпшир, ландрас

**Благодарности:** исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 23-76-10009, <https://rscf.ru/project/23-76-10009/>.

Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку данной работы.

**Конфликт интересов:** авторы заявили об отсутствии конфликта интересов.

**Для цитирования:** Романец Т. С., Бакоев С. Ю., Романец Е. А., Колосова М. А., Луконина О. Н., Башмакова Н. В., Ахмедли В. Ф., Гетманцева Л. В. Определение породоспецифичных SNP для генетической оценки дифференциации коммерческих пород свиней. Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2026;27(1):140–153.

DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2026.27.1.140-153>

Поступила: 25.05.2025

Принята к публикации: 05.02.2026

Опубликована онлайн: 27.02.2026

## Identification of breed-specific SNPs for genetic assessment of differentiation of commercial pig breeds

© 2026. Timofey S. Romanets<sup>✉1</sup>, Sirozhdin Y. Bakoev<sup>2</sup>, Elena A. Romanets<sup>1</sup>, Maria A. Kolosova<sup>1</sup>, Olga N. Lukonina<sup>2</sup>, Natalia V. Bashmakova<sup>2</sup>, Vagif F. Akhmedli<sup>2</sup>, Lyubov V. Getmantseva<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Don State Agrarian University, Persianovsky, Rostov region, Russian Federation

<sup>2</sup>All Russian Research Institute of Animal Breeding, Lesnye Polyany village, Moscow Region, Russian Federation

*Identification of specific genetic markers that determine interbreed differences and “selection signatures” in commercial pig breeds will allow for the development of more effective strategies for targeted breeding and improvement of animal genetic potential. The aim of this study is to analyze the whole-genome data of five commercial pig breeds using the FST method to*

identify markers that characterize interbreed differentiation, as well as to assess the intra-breed stratification caused by selective breeding. Special attention is given to identifying potential “selection signatures” that are specific to each breed. This study assessed the genetic differentiation among commercial pig breeds (duroc, berkshire, pietrain, hampshire, landrace) using the fixation index (FST), calculated based on genome-wide genotyping data for single nucleotide polymorphisms (SNPs). A moderate level of interbreed divergence was observed, with the highest pairwise FST values recorded for duroc – berkshire (0.19), duroc – pietrain (0.18), and duroc – landrace (0.17), while the lowest differentiation was noted between pietrain and landrace (0.14). Genome-wide FST distribution analysis enabled the identification of highly differentiated SNPs (above the 99th percentile), with their number ranging from 126 to 167 across comparisons. The greatest concentration of these SNPs was observed on chromosomes SSC1, SSC13, SSC4, and SSC6, indicating the presence of selective «hotspots» likely involved in the regulation of productivity – and adaptation-related traits. Several SNPs were consistently detected across multiple breed comparisons, highlighting their breed specificity and potential functional relevance. Functional annotation has revealed that these SNPs are located within genes, including PCDHB7 and PPP2R2B, which are characterized by tissue-specific expression in muscle and adipose tissues, and are implicated in the regulation of metabolic processes. Of particular interest is a SNP ASGA0079413 located within the TFEC gene, identified in Landrace pigs. Given its membership and its known role in pigment cell differentiation, this gene may contribute to the formation of white coat color, as well as to immune and metabolic functions.

**Keywords:** genome-wide analysis, FST, «selection signatures», duroc, berkshire, pietrain, hampshire, landrace

**Acknowledgements:** the research was supported by the Russian Science Foundation (grant No. 23-76-10009, <https://rscf.ru/project/23-76-10009/>).

The authors thank the reviewers for their contribution to the expert evaluation of this work.

**Conflict of interest:** the authors declare no conflict of interest.

**For citations:** Romanets T. S., Bakoev S. Y., Romanets E. A., Kolosova M. A., Lukonina O. N., Bashmakova N. V., Akhmedli V. F., Getmantseva L. V. Identification of breed-specific SNPs for genetic assessment of differentiation of commercial pig breeds. *Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka* = Agricultural Science Euro-North-East. 2026;27(1):140-153. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2026.27.1.140-153>

Received: 25.05.2025

Accepted for publication: 05.02.2026

Published online: 27.02.2026

Современное свиноводство требует постоянного совершенствования селекционных подходов, направленных на повышение продуктивности животных. Одним из ключевых направлений в этом аспекте является изучение генетической структуры коммерчески значимых пород, позволяющее обоснованно использовать генетические ресурсы в селекционных программах и повышать селекционный отклик [1, 2]. Генетическая дифференциация между коммерческими породами отражает исторические пути разведения, а также селекционное давление, направленное на улучшение признаков – скорость роста, качество мяса, устойчивость к заболеваниям и плодовитость [3, 4].

Коммерческие породы свиней, такие как дюрок, беркшир, гемпшир, пьетрен и ландрас, демонстрируют выраженные фенотипические различия, связанные с направленностью селекционных программ и их генетической структурой. Так, порода дюрок характеризуется высокими темпами роста и качеством мяса, породы ландрас и беркшир отбирались преимущественно по показателям плодовитости и мраморности мяса [5]. Тем не менее, несмотря на широкое применение данных пород в мировой практике, уровень их генетической дифференциации и внутривидовой стратификации до настоящего времени остаётся недостаточно исследованным [6].

Метод индексной фиксации (*fixation index*, FST), предложенный Б. С. Вейр и К. С. Кокерхэм (B. S. Weir and C. C. Cockerham) в 1984 году [7], является надёжным инструментом для оценки степени межпопуляционной дифференциации и выявления потенциальных «подписей селекции» (*selection signatures*) – участков генома, находящихся под действием отбора. Анализ FST в сочетании с определением полногеномных однонуклеотидных полиморфизмов (*Single Nucleotide Polymorphism*, SNP) позволяет не только определить генетическую дистанцию между коммерческими породами, но и выявить маркеры, ассоциированные с признаками, подвергшимися интенсивному отбору [8, 9].

В настоящем исследовании в качестве объекта анализа были выбраны пять пород свиней американской селекции – дюрок, беркшир, гемпшир, пьетрен и ландрас. Аналогичные исследования с использованием FST и полногеномных SNP-данных успешно применялись для изучения генетической структуры и выявления «подписей селекции» у других пород свиней, таких как китайские местные [10, 11, 12] и европейские [13, 14] породы, что позволило выявить гены, связанные с адаптацией к местным условиям и специфическими продуктивными признаками. Кроме того, анализ FST был использован для оценки генетической дифференциации и выявления селективных сигналов у крупного рогатого скота [15, 16],

овец [17] и кур [18], что привело к идентификации генов, отвечающих за молочную продуктивность, качество шерсти и устойчивость к заболеваниям. Эти исследования продемонстрировали эффективность FST-анализа для оптимизации селекционных программ и сохранения генетического разнообразия. Учитывая успешный опыт применения данного подхода в других популяциях сельскохозяйственных животных, изучение их генетической дифференциации, внутри- и межпородной структуры имеет важное значение для разработки более эффективных программ разведения и сохранения генетического разнообразия.

**Цель исследований** – анализ полногеномных данных пяти коммерческих пород свиней с использованием метода индексной фиксации для выявления маркеров, характеризующих межпородную дифференциацию, а также оценка внутривидовой стратификации, обусловленной селекционным отбором. Особое внимание уделено выявлению потенциальных «подписей селекции», специфичных для каждой из пород.

**Научная новизна** – впервые на основе данных полногеномного анализа пяти коммерческих пород свиней – дюрок, беркшир, гемпшир, пьетрен и ландрас – была проведена оценка межпородной дифференциации с использованием FST. В рамках работы выявлены породоспецифичные SNP и определены хромосомные регионы (SSC1, SSC13, SSC4 и SSC6), содержащие дифференцированные SNP, что указывает на наличие селективных «горячих точек», вовлеченных в регуляцию продуктивных и адаптивных признаков. Полученные результаты будут способствовать выявлению генетических маркеров, связанных с хозяйственно ценными признаками, разработке более эффективных стратегий селекции, нацеленной на повышение продуктивности и сохранение породной специфичности, а также позволят получить ценные сведения для дальнейших молекулярно-генетических исследований механизмов пороодообразования свиней коммерческих пород.

**Материал и методы.** В качестве объекта исследования были использованы данные генотипирования пяти популяций свиней пород дюрок, беркшир, гемпшир, пьетрен и ландрас ( $n = 100$ ). Генотипы животных, полученные с использованием чипов *Illumina*, были загружены из открытого международного репозитория DRYAD [10]. Общий массив данных

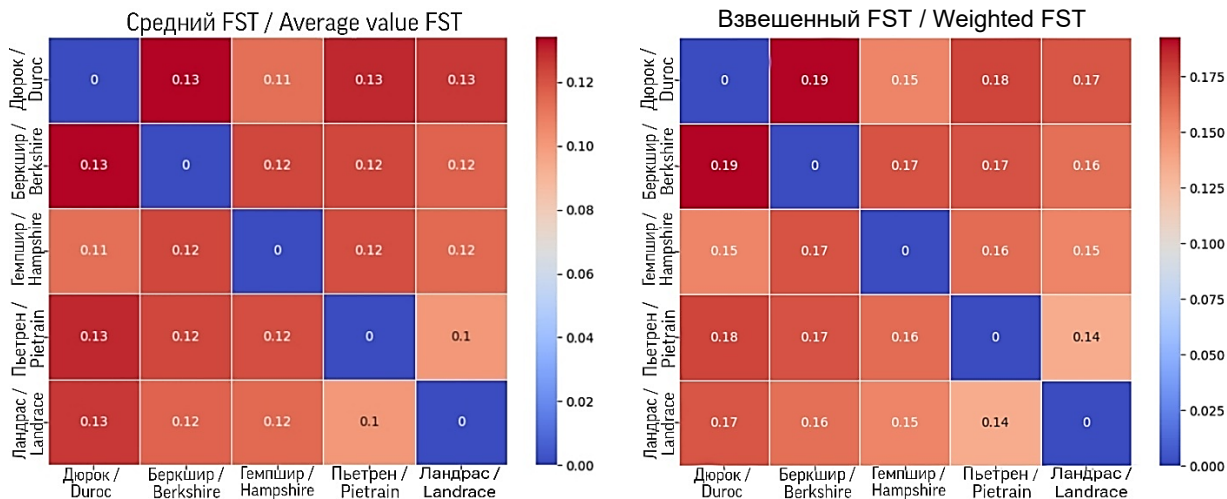
включал 52 783 однонуклеотидных полиморфизма с показателем качества прочтений (*call rate*) 96 %. Идентификацию однонуклеотидных полиморфизмов осуществляли по их идентификаторам (rsID) в базе данных NCBI dbSNP.

Предварительная обработка и анализ данных проведена с использованием статистической среды R и пакета PLINK (версия 1.9). На этапе фильтрации были применены следующие критерии качества (команды PLINK): исключались SNP с долей отсутствующих генотипов выше 10 % (--geno 0.1); SNP с минорной аллельной частотой менее 0,01 (--maf 0.01); индивидуумы с уровнем пропущенных данных, превышающим 10 % (--mind 0.1). Для исключения избыточно коррелированных маркеров была дополнительно проведена процедура отбора независимых SNP по скользящему окну длиной 50 SNP с шагом 5 и порогом LD в 0,5 (--indep-pairwise 50 5 0.5).

Степень генетической дифференциации между коммерческими породами оценивали на основе индекса фиксации, рассчитанного по методике Б. С. Вейр и К. С. Кокерхэм (B. S. Weir and C. C. Cockerham, 1984) [7]. Для анализа геномных данных использовали пакет PLINK 1.9, который реализует метод Вейр и Кокерхэм (Weir and Cockerham) для оценки генетической дифференциации на основе SNP-чипов. Были проведены попарные сравнения генетической дифференциации между всеми коммерческими породами свиней. Всего сформировали десять групп сравнения: дюрок – беркшир; дюрок – гемпшир; дюрок – пьетрен; дюрок – ландрас; беркшир – гемпшир; беркшир – пьетрен; беркшир – ландрас; гемпшир – пьетрен; гемпшир – ландрас; пьетрен – ландрас. Дальнейшую обработку и визуализацию результатов проводили с использованием языка программирования R 4.2.2 и пакетов ggplot2, dplyr и data.table. Для последующего анализа были отобраны SNP, значения FST которых превышали уровень квантиля 0,99, это позволило выделить генетические варианты с наибольшим вкладом в межпородную дифференциацию и потенциально находящиеся под действием селекционного давления. Идентифицированные генетические варианты переводили в геномные позиции *Sus scrofa* 11.1, используя базу данных Ensembl genome browser 109 (<https://www.ensembl.org/index.html>). Для оценки тканеспецифичности транскрипционной активности изученных генов использовали данные ресурса Vgeе [19].

**Результаты и их обсуждение.** Для оценки степени генетической дифференциации между парами пород была рассчитана величина FST, отражающая уровень межпопуляционного различия частот аллелей. На рисунке 1 представлены как средние значения FST, так и взвешенные, позволяющие учесть неоднородность

распределения маркеров по геному. Установлено, что степень генетической дифференциации варьирует в зависимости от сравниваемых породных пар, отражая различия в истории разведения, исходных генофондах и направленности селекционного отбора.



**Рис. 1. Среднее и взвешенное значение индекса фиксации (FST) между популяциями пяти коммерческих пород свиней /**

**Fig. 1. Average and weighted fixation index (FST) values between populations of five commercial pig breeds**

Взвешенные значения FST во всех группах сравнения получили выше соответствующих средних значений, что подчёркивает важность учёта аллельных частот и структуры выборки при интерпретации межпопуляционных различий. Такие оценки особенно важны при анализе данных геномного масштаба, поскольку плотность и информативность SNP могут существенно варьировать по различным регионам генома. Для дальнейшей оценки и выявления наиболее дифференцированных участков генома использовали взвешенные значения FST, поскольку они позволяют более точно отразить степень генетической дифференциации, учитывая неравномерное распределение SNP по геному, и потенциальное влияние плотности маркеров на расчет среднего значения.

Наибольший уровень генетической дифференциации наблюдали при сравнении пород дюрок – беркшир (взвешенный FST = 0,19), что отражает как различия в географическом происхождении, так и особенности селекционного давления. Сходный уровень FST установлен между парами дюрок – пьетрен (0,18), а также дюрок – ландрас (0,17), что подтверждает наличие породного разделения на генетическом уровне (FST > 0,25 считается высоким, 0,15–0,25 – умеренным, а < 0,15 – низким).

Минимальные значения FST получены при сравнении пород пьетрен – ландрас (взвешенный FST = 0,14), что может свидетельствовать о близости генофондов, обусловленной частичным генетическим перекрытием на ранних этапах формирования пород и/или применением схожих методов отбора. Это согласуется с данными, представленными в исследовании Meyermans R. et al. (2020) [20], в котором также зафиксированы невысокие значения взвешенного FST между коммерческими породами пьетрен и ландрас (FST = 0,15). Кроме того, в этой же работе сообщается, что значение FST между породами дюрок и пьетрен американской селекции достигает 0,28, а между породами дюрок и ландрас – 0,22, что превышает аналогичные показатели, полученные в настоящем исследовании [21]. Данное расхождение может быть связано с генетическими различиями изучаемых популяций, а также с временным промежутком между исследованиями.

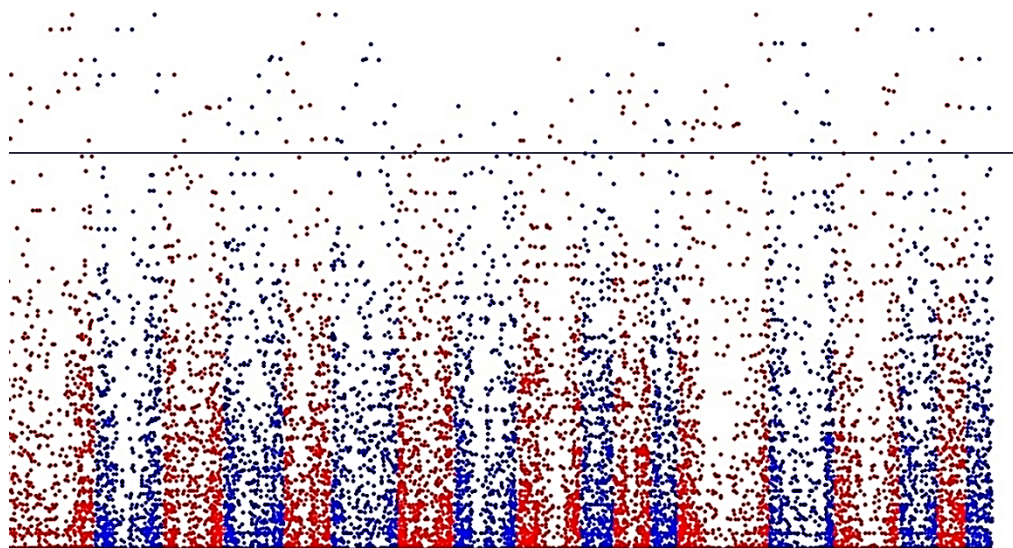
Таким образом, полученные значения FST отражают как исторически сложившиеся различия между коммерческими породами, так и особенности современных селекционных программ. Умеренный уровень генетической дифференциации между большинством групп сравнения свидетельствует о наличии породной

специфичности при сохраняющемся общем генетическом фоне, характерном для коммерческих популяций свиней. Представленные результаты подтверждают наличие межпородной генетической структуры и указывают на перспективность выявления породоспецифичных маркеров, потенциально ассоциированных с признаками продуктивности и адаптивности.

В целях более детального изучения локальных участков генома, вносящих наибольший вклад в межпородную дифференциацию, был проведён анализ распределения значений  $F_{ST}$  по отдельным SNP с выделением наиболее дифференцированных вариантов. Данный подход позволяет выявить SNP с максимальной степенью межпородной дифференциации и соответственно участки генома, в которых

могут локализоваться маркеры, отражающие воздействие дивергентного селекционного давления [22].

Для каждой из десяти групп сравнений определяли SNP, значения индекса  $F_{ST}$ , в которых превышали порог квантиля 0,99, что соответствует верхнему одному проценту распределения и отражает наиболее дифференцированные участки, используемые для последующего анализа. Для визуализации распределения этих значений были построены графики типа «манхэттен-плот» по всем группам. На рисунке 2 представлен график для группы сравнения дюрок – ландрас, демонстрирующий локализацию SNP с наибольшей дифференцированностью вдоль хромосом.



*Рис. 2.* Манхэттен-плот распределения значений индекса фиксации ( $F_{ST}$ ) для группы сравнения дюрок – ландрас. Горизонтальной линией отмечен порог 99-го квантиля, выше которого однонуклеотидные полиморфизмы (SNP) отнесены к числу высокодифференцированных /

*Fig. 2.* Manhattan plot of the fixation index ( $F_{ST}$ ) distribution for the duroc-landrace comparison group. The horizontal line indicates the 99th percentile threshold, above which Single Nucleotide Polymorphism (SNPs) are classified as highly differentiated

Высокодифференцированные SNP в отдельных локусах могут свидетельствовать о действии направленного отбора, закрепившего альтернативные аллельные варианты в породах с разной продуктивной специализацией. Среди всех групп сравнения анализ количества SNP с  $F_{ST}$  выше порогового значения в разрезе хромосом показал неравномерное распределение дифференцирующих SNP по геному. В связи с этим, следующий этап исследований был направлен на оценку хромосомной локализации выявленных SNP и идентификацию

участков генома, обладающих наибольшим вкладом в межпородную генетическую дифференциацию.

Анализ распределения SNP, превышающих порог 0,99-го квантиля по значениям  $F_{ST}$ , позволил количественно охарактеризовать вклад отдельных хромосом в межпородную дифференциацию. Результаты, представленные на рисунке 3, демонстрируют заметную гетерогенность по числу выявленных полиморфизмов между различными сравнениями пород и хромосомами.

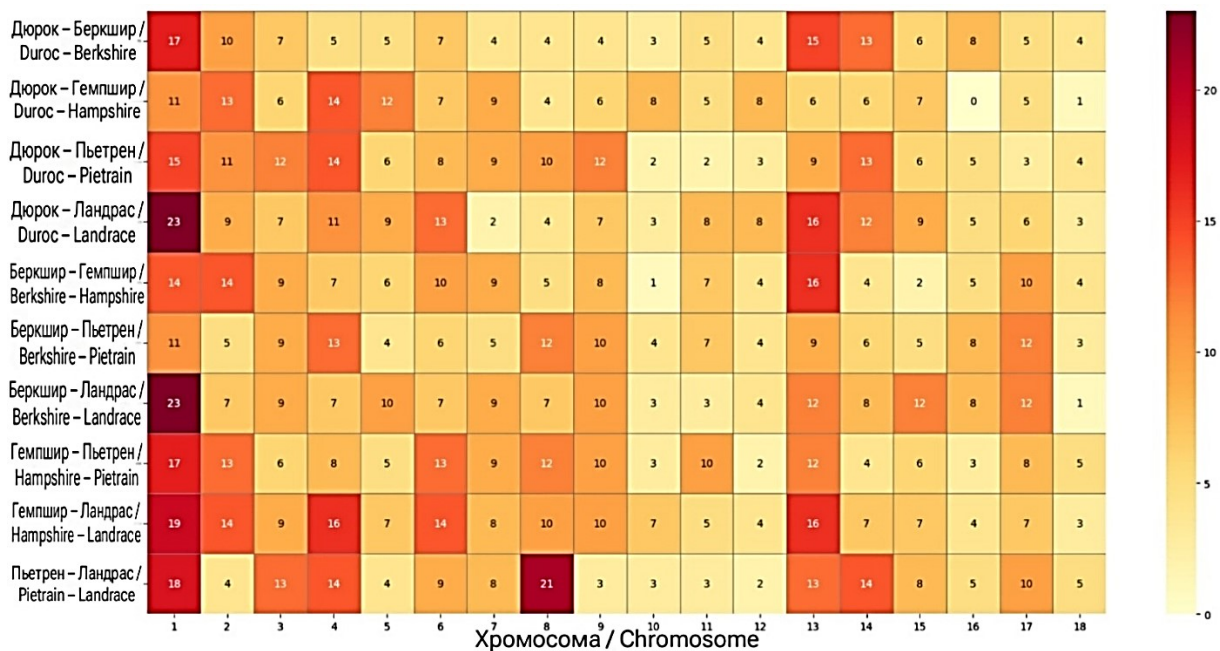


Рис. 3. Хромосомное распределение дифференцирующих однонуклеотидных полиморфизмов (SNP), превышающих по значениям индекса фиксации (FST) порог квантиля 0,99 /

Fig. 3. Chromosomal distribution of differentiating Single Nucleotide Polymorphism (SNPs) exceeding the 99th percentile fixation index (FST) threshold

Общее количество дифференцированных SNP в группах сравнения варьировало от 126 (дюрок – беркшир) до 167 (гемпшир – ландрас). При этом наиболее высокая концентрация SNP, демонстрирующей выраженную дифференциацию, отмечена на хромосомах SSC1 (168 SNP, 11,6%), SSC13 (124 SNP, 8,6%), SSC4 (109 SNP, 7,6%) и SSC6 (94 SNP, 6,5%), процентное отношение рассчитано от общего количества обнаруженных SNP (рис. 4). Данные хромосомы, вероятно, содержат локусы, вовлечённые в породообразование и/или под-

вергшиеся длительному действию направленного отбора в рамках селекционных программ.

Особенно выделяется хромосома SSC1, на которой для большинства групп сравнения было обнаружено наибольшее число дифференцирующих SNP, включая пары дюрок – ландрас (n = 23), беркшир – ландрас (n = 23) и гемпшир – ландрас (n = 19). Подобное распределение может свидетельствовать о наличии на данной хромосоме селективных «горячих точек», ассоциированных с признаками продуктивности или адаптивности.

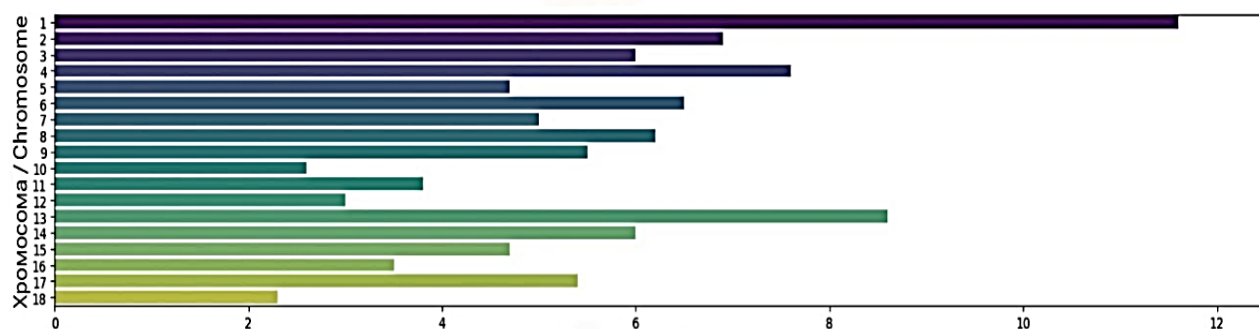


Рис. 4. Хромосомное распределение однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) с наибольшими значениями индекса фиксации (FST) по результатам всех межпородных сравнений /

Fig. 4. Chromosomal distribution of Single Nucleotide Polymorphism (SNPs) with the highest fixation index (FST) values across all pairwise breed comparisons

В то же время наименьшее количество значимых SNP выявлено на хромосомах SSC18 (n = 33, 2,3%) и SSC10 (n = 37, 2,6%), что может быть связано с меньшей плотностью генов,

уровнем полиморфизма или ограниченным участием данных хромосом в межпородной дивергенции.

Таким образом, полученные результаты указывают на наличие хромосомной специфичности в паттернах дифференциации между изучаемыми породами, что представляет интерес для последующего поиска потенциальных генов-кандидатов.

Дополнительный анализ SNP ( $F_{ST} > 0,99$  квантиля) позволил выявить ряд точек, демонстрирующих повторяемость в нескольких межпородных сравнениях, что может свидетельствовать об их потенциальной роли в формировании породной специфичности. В частности,

для каждого из исследованных генотипов были выделены SNP, неоднократно встречающиеся в сравнениях с участием одной и той же породы, что указывает на их возможную селекционную значимость и вовлечённость в породообразующие процессы. Распределение таких маркеров по породам представлено в таблице 1. Для наглядности они сгруппированы по породной принадлежности, то есть отражают те SNP, которые с наибольшей вероятностью характеризуют генетическую специфику соответствующей породы.

**Таблица 1 – Специфичные однонуклеотидные полиморфизмы (SNP) (индекс фиксации ( $F_{ST}$ ) > 0,99 квантиля), определённые на основании повторяющегося присутствия в межпородных сравнениях /  
Table 1 – Breed-specific Single Nucleotide Polymorphism (SNPs) (fixation index ( $F_{ST}$ ) > 99th percentile) identified based on recurrent occurrence across pairwise breed comparisons**

Порода / Breed	SNP	Группы сравнения / Comparison groups		
Дюрок / Duroc	ALGA0007645	Дюрок – Гемпшир / Duroc – Hampshire	Дюрок – Пьетрен / Duroc – Pietrain	Дюрок – Ландрас / Duroc – Landrace
Дюрок / Duroc	ALGA0016417	Дюрок – Беркшир / Duroc – Berkshire	Дюрок – Пьетрен / Duroc – Pietrain	Дюрок – Ландрас / Duroc – Landrace
Дюрок / Duroc	DIAS0003555	Дюрок – Беркшир / Duroc – Berkshire	Дюрок – Гемпшир / Duroc – Hampshire	Дюрок – Пьетрен / Duroc – Pietrain
Дюрок / Duroc	ALGA0044071	Дюрок – Беркшир / Duroc – Berkshire	Дюрок – Пьетрен / Duroc – Pietrain	Дюрок – Ландрас / Duroc – Landrace
Беркшир / Berkshire	ASGA0050674	Дюрок – Беркшир / Duroc – Berkshire	Беркшир – Гемпшир / Berkshire – Hampshire	Беркшир – Ландрас / Berkshire – Landrace
Гемпшир / Hampshire	ALGA0015589	Беркшир – Гемпшир / Berkshire – Hampshire	Гемпшир – Пьетрен / Hampshire – Pietrain	Гемпшир – Ландрас / Hampshire – Landrace
Гемпшир / Hampshire	ALGA0111927	Беркшир – Гемпшир / Berkshire – Hampshire	Гемпшир – Пьетрен / Hampshire – Pietrain	Гемпшир – Ландрас / Hampshire – Landrace
Пьетрен / Pietrain	ASGA0093786	Дюрок – Пьетрен / Duroc – Pietrain	Беркшир – Пьетрен / Berkshire – Pietrain	Пьетрен – Ландрас / Pietrain – Landrace
Пьетрен / Pietrain	DRGA0008696	Дюрок – Пьетрен / Duroc – Pietrain	Беркшир – Пьетрен / Berkshire – Pietrain	Пьетрен – Ландрас / Pietrain – Landrace
Пьетрен / Pietrain	ALGA0068917	Дюрок – Пьетрен / Duroc – Pietrain	Беркшир – Пьетрен / Berkshire – Pietrain	Пьетрен – Ландрас / Pietrain – Landrace
Ландрас / Landrace	ALGA0008078	Беркшир – Ландрас / Berkshire – Landrace	Гемпшир – Ландрас / Hampshire – Landrace	Пьетрен – Ландрас / Pietrain – Landrace
Ландрас / Landrace	M1GA0001305	Дюрок – Ландрас / Duroc – Landrace	Беркшир – Ландрас / Berkshire – Landrace	Гемпшир – Ландрас / Hampshire – Landrace
Ландрас / Landrace	ASGA0019496	Дюрок – Ландрас / Duroc – Landrace	Беркшир – Ландрас / Berkshire – Landrace	Пьетрен – Ландрас / Pietrain – Landrace
Ландрас / Landrace	ASGA0079413	Дюрок – Ландрас / Duroc – Landrace	Гемпшир – Ландрас / Hampshire – Landrace	Пьетрен – Ландрас / Pietrain – Landrace

Наибольшее количество повторяющихся SNP (по четыре) было выявлено у свиней пород дюрок (ALGA0007645, ALGA0016417, ALGA0044071, DIAS0003555) и ландрас (ALGA0008078, ASGA0019496, ASGA0079413, M1GA0001305). Эти маркеры фиксировались в трёх различных межпородных сравнениях,

что может свидетельствовать о стабильной фиксации соответствующих аллелей в данных породах и выраженной генетической дифференциации по отношению к другим генотипам. У породы пьетрен были выявлены три повторяющихся SNP, у гемпшир – два, у беркшир – один.

Повторяемость этих SNP указывает на их потенциальную селекционную значимость и подчёркивает породную обособленность в рамках проведённого анализа. Наличие одного и того же дифференцированного локуса в нескольких межпородных контрастах усиливает аргументы в пользу его возможной функциональной роли. Тем не менее, полученные результаты требуют дальнейшей валидации на расширенных выборках и в составе других популяций, что необходимо для уточнения ассоциаций с признаками продуктивности и адаптации.

Для дальнейшего уточнения возможной функциональной значимости выявленных повторяющихся SNP была проведена их аннотация с использованием данных геномной локализации и типов вариантов по классификации Ensembl. В таблице 2 представлены сведения о хромосомной позиции, типе варианта (интронный, в межгенном участке, в области перед геном (промоторной области)), локализации, а также аллельном составе – альтернативном и референсном аллелях.

**Таблица 2 – Геномные характеристики повторяющихся однонуклеотидных полиморфизмов (SNP), специфичных для исследуемых пород /**

**Table 2 – Genomic characteristics of recurrent Single Nucleotide Polymorphism (SNPs) specific to the studied breeds**

Порода / Breed	SNP	Хромосома: Позиция / Chromosome: Position	Тип варианта / Variant type	Ген / Gene	Альтернативный аллель / Alternative allele	Референсный аллель / Reference allele
Дюрок / Duroc	ALGA0007645	1:228812764	В межгенном участке / Intergenic variant	-	G	A
Дюрок / Duroc	ALGA0016417	2:142880954	В области перед геном / Upstream gene	<i>PCDHB7</i>	A	G
Дюрок / Duroc	DIAS0003555	2:147952931	Интронный / Intron	<i>PPP2R2B</i>	G	A
Дюрок / Duroc	ALGA0044071	7:106028315	В межгенном участке / Intergenic variant	-	G	A
Беркшир / Berkshire	ASGA0050674	11:41820246	В межгенном участке / Intergenic variant	-	G	A
Гемпшир / Hampshire	ALGA0015589	2:128473927	В межгенном участке / Intergenic variant	-	G	A
Гемпшир / Hampshire	ALGA0111927	13:13172438		-	C	A
Пьетрен / Pietrain	ASGA0093786	4:133217263	В межгенном участке / Intergenic variant	-	A	G
Пьетрен / Pietrain	DRGA0008696	8:93820555		-	G	A
Пьетрен / Pietrain	ALGA0068917	13:26469324	Интронный / Intron	<i>GASK1A</i>	A	C
Ландрас / Landrace	ALGA0008078	1:248269167	В межгенном участке / Intergenic variant	-	A	G
Ландрас / Landrace	M1GA0001305	1:244526105		-	G	A
Ландрас / Landrace	ASGA0019496	4:43343225		-	C	A
Ландрас / Landrace	ASGA0079413	18:30131969	Интронный / Intron	<i>TFEC</i>	G	A

Из данных таблицы 2 видно, что большинство выявленных SNP локализованы в межгенных участках (*intergenic variant*), что не исключает их потенциальную регуляторную роль. При этом ряд SNP расположен в интронных (*intron variant*) или прилегающих к генам участках (*upstream gene variant*). Так, SNP ALGA0016417, специфичный для породы дюрок, классифицирован как *upstream gene variant* гена *PCDHB7*, тогда как DIAS0003555 распо-

ложен в интронной области гена *PPP2R2B*, также характерного для данной породы. У пьетрен SNP ALGA0068917 попадает в интрон гена *GASK1A*, у ландрас SNP ASGA0079413 локализован в интронной области гена *TFEC*. Варианты *intron variant* и *upstream gene variant* обладают значительным потенциалом как функциональные маркеры, они способны оказывать влияние на транскрипционную активность, сплайсинг, структуру хроматина,

а также на взаимодействие с эпигенетическими и трансрегуляторными механизмами, и, следовательно, могут быть вовлечены в формирование различий между коммерческими породами, особенно в аспекте количественных продуктивных признаков.

Помимо структурной локализации вариантов, таблица 2 содержит данные о различиях между альтернативными и референсными аллелями. Альтернативный аллель соответствует варианту, зафиксированному в исследуемой породе, тогда как референсный представляет последовательность стандартного генома *Sus scrofa* (Sscrofa1.1). Сравнение этих аллелей позволяет более точно интерпретировать характер межпородных различий на молекулярном уровне и выявлять селективно значимые позиции, устойчиво отличающие породы друг от друга.

Таким образом, представленные SNP характеризуются высокой степенью межпородной дифференциации, устойчивой повторяемостью в контрастах, а также локализацией в потенциально функционально значимых участках генома. Эти особенности обосновывают целесообразность их дальнейшего включения в ассоциативные и функциональные исследования, направленные на выявление молекулярных механизмов продуктивности и породной специфичности у свиней.

Для оценки тканеспецифичности транскрипционной активности изученных генов были использованы данные ресурса Vgee [19], в котором уровень экспрессии (Expression score) представляет собой интегрированный количественный показатель гена в конкретной ткани или органе. Этот показатель рассчитывается на основе нормализованных и агрегированных транскриптомных данных из различных источников (включая RNA-Seq, Affymetrix, in situ hybridization и др.), прошедших строгую фильтрацию на биологическую достоверность.

Один из повторяющихся SNP, специфичных для породы дюрок (ALGA0007645, хромосома 1, позиция 228812764), аннотирован в области гена *PCDHB7* (*protocadherin beta 7*, ENSSSCG00000036961), принадлежащего к семейству протокадгеринов (PCDH) – кальций-зависимых белков клеточной адгезии, играющих ключевую роль в формировании межклеточных контактов и функционировании нервной системы. Согласно данным базы Vgee, наибольшая транскрипционная активность гена *PCDHB7* у свиней выявлена в подкожной жировой ткани (уровень экспрессии = 60,24),

яичниках (53,81), большой поясничной мышце (*musculus psoas major*, 50,33), длиннейшей мышце грудного отдела (*musculus longissimus thoracis*, 41,80), а также в 23 других тканях [19]. Эти данные могут свидетельствовать о потенциальном участии данного гена в регуляции метаболических процессов в мышечной и жировой тканях.

Независимые исследования на модельных организмах и у человека подтверждают потенциальную функциональную значимость гена *PCDHB7*. В частности, у мышей с индуцированным ожирением, вызванным диетой с высоким содержанием жиров, зафиксировано повышение экспрессии гена *PCDHB7* в эндотелиальных клетках, входящих в сигнатуру активации ангиогенеза и межклеточной адгезии [23]. Более того, аналогичные участки были ассоциированы с признаками ожирения у человека: в исследовании С. Мун с соавт. (S. Moon et al., 2017) выявлен CNV-локус, перекрывающий *PCDHB7* и *PCDHB8*, достоверно связанный с ожирением как у детей, так и у взрослых. Комбинированный анализ вариаций числа копий (CNV) и данных секвенирования экзома продемонстрировал высокую статистическую значимость ассоциации с индексом массы тела (значение критерия Фишера:  $P = 3,76 \times 10^{-5}$ ), что указывает на возможную регуляторную или структурную роль указанных генов в метаболических процессах [24]. Таким образом, выявленный SNP, специфичный для породы дюрок и локализованный в области гена *PCDHB7*, может представлять интерес с точки зрения селекционной направленности на мясную продуктивность, а также требует дальнейшего изучения в аспекте полиморфизма и экспрессии данного гена в контексте межпородной дифференциации.

Другой SNP, специфичный для породы дюрок – ALGA0096329 (хромосома 2, позиция 147952931), локализован в области гена *PPP2R2B* (*protein phosphatase 2 regulatory subunit Bβ*, ENSSSCG00000028976), кодирующего регуляторную субъединицу протеинфосфатазы 2A (PP2A) – одного из ключевых серин-треонинфосфатазных комплексов, участвующих в регуляции клеточного цикла, роста и сигнальных каскадов. Изоформа Bβ преимущественно экспрессируется в нейрональных клетках, где регулирует дефосфорилирование белков в центральной нервной системе. Согласно данным базы Vgee, у свиней наибольшая транскрипционная активность *PPP2R2B* зафиксирована в под-

кожной жировой ткани (expression score = 43,86), большой поясничной мышце (*musculus psoas major*, 41,77), длиннейшей мышце спины (*musculus longissimus dorsi*, 35,02), а также в 25 других тканях организма [19].

Функциональные исследования, проведённые на других видах сельскохозяйственных животных, подтверждают биологическую значимость гена *PPP2R2B*. Так, у китайской популяции коров голштинской породы полиморфизмы в *PPP2R2B* достоверно ассоциированы с показателями молочной продуктивности. В частности, однонуклеотидный полиморфизм 7:g.57855248C>T был связан с надоем молока, выходом молочного жира и белка в первую лактацию, с содержанием жира – во вторую; полиморфизм 7:g.57855119T>C – с выходом и массовой долей белка; 7:g.57794491G>T – с выходом жира и объёмом молока [25]. Несмотря на межвидовые различия, наличие достоверных ассоциаций с метаболическими признаками, наряду с тканеспецифичной экспрессией гена в жировой и мышечной тканях у свиней, позволяет предположить его плейотропное влияние на продуктивные качества.

Таким образом, SNP ALGA0096329, выявленный у свиней породы дюрок и локализованный в области гена *PPP2R2B*, является интересным кандидатом для дальнейшего изучения его возможной роли в контексте селекции на мясную продуктивность. Учитывая его экспрессию в ключевых тканях, вовлечённых в формирование мышечной массы и жировых отложений, а также предполагаемое участие в нейроэндокринной регуляции метаболических процессов, можно предположить, что данный геномный участок может влиять на продуктивные признаки свиней. Однако для подтверждения этой гипотезы, необходимо проведение дальнейших исследований, направленных на изучение генетической ассоциации полиморфизмов в гене *PPP2R2B* с признаками мясной продуктивности у свиней, а также анализ тканеспецифичной экспрессии гена в зависимости от уровня продуктивности животных.

Специфичный для породы пьетрен SNP (хромосома 13, позиция 26 469 324), локализован в области гена *GASK1A* (*Golgi associated kinase 1A*, ENSSSCG00000011294). Данный ген кодирует серин-треонин протеинкиназу, ассоциированную с аппаратом Гольджи и предположительно вовлечённую в регуляцию внутриклеточного транспорта, везикулярного трафика,

а также фосфорилирование белков, участвующих в сигнальной передаче и клеточном росте. Несмотря на ограниченность данных о функциональной активности *GASK1A*, его клеточная локализация в регуляторных компартаментах свидетельствует о потенциальной роли в контроле метаболических и пролиферативных процессов.

Согласно данным базы Vgее, ген *GASK1A* у свиней характеризуется широкой тканеспецифической экспрессией. Наибольший уровень транскрипционной активности зафиксирован в яичниках (уровень экспрессии = 85,94), ооцитах (81,24), желудке (81,08), общей жировой ткани (80,65) и подкожной жировой клетчатке (80,55), что может свидетельствовать о его участии в регуляции репродуктивной функции и липидного обмена. Кроме того, высокий уровень экспрессии гена наблюдается в скелетной мускулатуре (49,55), большой поясничной мышце (43,85) и длиннейшей мышце груди (45,53) [19], что указывает на потенциальную роль *GASK1A* в развитии и функционировании поперечно-полосатой мышечной ткани, напрямую связанной с признаками мясной продуктивности.

Подтверждением потенциальной функциональной значимости гена *GASK1A* служат данные независимого исследования, проведённого на помесных свиньях (ландрас × гурра), в котором были собраны фенотипические данные по массе тела от рождения до восьминедельного возраста. В рамках данного исследования выполнен GWAS-анализ, выявивший SNP, локализованные в экзонах гена *GASK1A* и достоверно ассоциированные с массой тела на различных этапах постнатального периода [26]. В частности, один из таких SNP (расположенный в экзоне 3) вошёл в число десяти наиболее значимых маркеров, ассоциированных с массой тела при рождении и на четвёртой неделе жизни ( $P < 0,001$ ). Для признака «масса тела» на пятой неделе были идентифицированы ещё два SNP в области *GASK1A* (экзон 2), также обладающие высокой статистической значимостью. Полученные данные позволяют предположить участие этого гена в ранней онтогенетической регуляции темпов роста у свиней.

Таким образом, SNP, локализованный в области гена *GASK1A* у породы пьетрен, представляет интерес как потенциальный функциональный маркер, ассоциированный с признаками скороспелости и интенсивного постнатального роста. Учитывая тканеспеци-

фичный профиль экспрессии данного гена, а также наличие достоверных ассоциаций с параметрами массы тела на ранних этапах онтогенеза, этот локус заслуживает дальнейшего изучения. Перспективным представляется анализ структурных и регуляторных полиморфизмов в популяциях с контрастной динамикой живой массы, а также уточнение молекулярных механизмов участия *GASK1A* в контроле темпов роста и развития мышечной ткани.

У свиней породы ландрас один из дифференцированных SNP локализован в области гена *TFEC* (*transcription factor EC*, ENSSSCG00000038138). Этот ген кодирует транскрипционный фактор из подсемейства MITF (*microphthalmia-associated transcription factor*), известный своей ключевой ролью в регуляции дифференцировки клеток нейрального гребня, включая меланоциты, остеокласты и клетки иммунной системы. *TFEC* участвует в формировании клеточных фенотипов, особенно в линиях, связанных с моноцитарными и пигментными клетками, и может опосредовать сигнальные пути, активируемые различными внешними и внутренними стимулами.

Согласно данным ресурса Vgsee, *TFEC* демонстрирует умеренно широкий профиль экспрессии у свиней в 38 тканях организма с наибольшей активностью в селезёнке (уровень экспрессии = 78,92), почках взрослых животных (76,70) и крови (70,49), что может указывать на участие в иммунологических и метаболических функциях. Также важно отметить, что *TFEC* экспрессируется и в мышечных, и жировых тканях: длинная мышца спины (50,08), подкожная жировая ткань (48,60), скелетная мышечная ткань (42,62) [19], что подчёркивает потенциальную роль этого гена в тканеспецифической регуляции транскрипции, связанной с продуктивными признаками.

Особый интерес вызывает установленная в недавних исследованиях связь *TFEC* с развитием клеток пигментации и пегим окрасом у позвоночных. В работе А. Гарсия-Эльфринг и др. (A. Garcia-Elfring et al., 2023) экспериментально показано, что CRISPR-индуцированные мутации в гене *TFEC* у ящерицы (*Anolis sagrei*) приводят к полному отсутствию иридофоров и потере характерной окраски, что указывает на его ключевую роль в развитии хромофоров [27]. Эти данные были подтверждены и дополнены в работе А. С. Тзика (A. S. Tzika, 2024), в которой обсуждается

вклад *TFEC* в общие механизмы дифференцировки пигментных клеток у рептилий [28].

Интересен тот факт, что данный ген обнаружен как специфичный именно у породы ландрас (породы с однородной белой мастью) при сравнении с породами дюрок, гемпшир, беркшир и пьетрен, характеризующимися пегой мастью. Это наблюдение позволяет выдвинуть гипотезу о возможной связи *TFEC* с регуляцией пигментации у свиней несмотря на то, что у данного вида механизмы пигментации изучены в меньшей степени, чем у модельных позвоночных. Предположительно, аллельные различия в области *TFEC* у породы ландрас могли быть зафиксированы в результате искусственного отбора на отсутствие пигмента, типичного для многих современных белых пород.

Более того, учитывая наличие экспрессии гена *TFEC* в мышечной и жировой ткани, нельзя исключать его возможной роли в регуляции метаболических или иммунных функций, связанных с продуктивными характеристиками. Это делает обнаруженный SNP, локализованный в области гена *TFEC*, не только потенциальным маркером масти, но и объектом для дальнейшего функционального анализа, направленного на выяснение его роли в комплексной регуляции физиологических процессов у свиней.

**Заключение.** На основании проведенного анализа полногеномных SNP-данных пяти коммерческих пород свиней (дюрок, беркшир, гемпшир, пьетрен и ландрас) установлено, что между ними существует умеренный уровень генетической дифференциации, отражающий исторические пути разведения и селекционное давление. Наиболее выраженные различия отмечены между породой дюрок и породами беркшир, пьетрен и ландрас, что подтверждает генетическую обособленность породы дюрок. Анализ FST выявил наличие SNP с высокой степенью межпородной дифференциации, концентрированных в определенных хромосомах (SSC1, SSC13, SSC4 и SSC6), что указывает на наличие селективных «горячих точек», вовлеченных в регуляцию продуктивных и адаптивных признаков. Повторяемость выявленных SNP в межпородных сравнениях подчеркивает их породную специфичность и потенциальную значимость.

Функциональная аннотация, проведенная для выявленных SNP, позволила локализовать их в пределах генов, обладающих тканеспе-

цифичной экспрессией, таких как *PCDHB7* и *PPP2R2B*, участвующих в метаболических процессах, а также в области гена *TFEC*, играющего роль в дифференцировке пигментных клеток и, вероятно, влияющего на формирование белой масти у породы ландрас. У породы пьетрен один SNP был аннотирован в области гена *GASK1A*, экспрессирующегося преимущественно в скелетной мускулатуре и вовлечённого в регуляцию внутриклеточного трафика и клеточной морфологии. Данная ассоциация может свидетельствовать о возможной роли *GASK1A* в развитии мышечной ткани и, соответственно, в формировании мясной продуктивности данной породы. Эти результаты не

только раскрывают генетические механизмы пороодообразования, но и указывают на потенциальную связь между генетической дифференциацией и фенотипическими особенностями, что подтверждает перспективность дальнейшей разработки выявленных SNP-маркеров для использования в селекционных программах, направленных на повышение продуктивности и поддержание породной специфичности. В целом результаты работы представляют ценные сведения для дальнейших молекулярно-генетических исследований механизмов пороодообразования и направленного отбора свиней коммерческих пород.

### References

1. Зиновьева Н. А., Сермягин А. А., Доцев А. В., Боронецкая О. И., Петрикеева Л. В., Абдельманова А. С. Генетические ресурсы животных: развитие исследований аллелофонда российских пород крупного рогатого скота-миниобзор. *Сельскохозяйственная биология*. 2019;54(4):631–641. DOI: <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2019.4.631rus> EDN: FCIGOD
- Zinoveva N. A., Sermyagin A. A., Dotsev A. V., Boronetskaya O. I., Petrikeeva L. V., Abdelmanova A. S. Animal genetic resources: developing the research of allele pool of russian cattle breeds - minireview. *Selskokhozyaystvennaya biologiya = Agricultural Biology*. 2019;54(4):631–641. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2019.4.631rus>
2. Гетманцева Л. В., Траспов А. А., Бакоев Н. Ф., Прытков Ю. А., Бакоев С. Ю., Петрикеева Л. В., Костюнина О. В. Поиск "отпечатков отбора" у домашних свиней и дикого кабана (обзор). *Сельскохозяйственная биология*. 2020;55(2):243–256. DOI: <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2020.2.243rus> EDN: CEJTDC
- Getmantseva L. V., Traspov A. A., Bakoev N. F., Pritkov Yu. A., Bakoev S. Yu., Petrikeeva L. V., Kostyunina O. V. Identification of "selection signatures" in pigs and wild boars (review). *Selskokhozyaystvennaya biologiya = Agricultural Biology*. 2020;55(2):243–256. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2020.2.243rus>
3. Tariq M., Safdar M., Badshah F., Bibi S., Fatima A., Saeed S., Ashiq K. Genetic diversity in livestock breeds: challenges and conservation. In: *Animal production and health*. Editor Dr. Muhammed Safdar. Published by ISRES Publishing, International Society for Research in Education and Science (ISRES), 2024. pp. 25–38. URL: [https://www.researchgate.net/profile/Momina-Malik-5/publication/391213898\\_Animal\\_Production\\_and\\_Health/links/680e67e5bfbe974b23bc6403/Animal-Production-and-Health.pdf#page=32](https://www.researchgate.net/profile/Momina-Malik-5/publication/391213898_Animal_Production_and_Health/links/680e67e5bfbe974b23bc6403/Animal-Production-and-Health.pdf#page=32)
4. Zayas G. A., Mateescu R. G. Genomic signatures of selection in Brangus cattle revealing the genetic foundations of adaptability and production traits using a breed of origin approach. *Frontiers in Animal Science*. 2024;5:1450639. DOI: <https://doi.org/10.3389/fanim.2024.1450639>
5. Wu F., Chen Z., Zhang Z., Wang Z., Zhang Z., Wang Q., Pan Y. The role of *Socs3* in regulating meat quality in Jinhua pigs. *International Journal of Molecular Sciences*. 2023;24(13):10593. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms241310593>
6. Saini T., Chauhan A., Ahmad S. F., Kumar A., Vaishnav S., Singh S. et al. Elucidation of population stratifying markers and selective sweeps in crossbred landlly pig population using genome-wide SNP data. *Mammalian Genome*. 2024;35(2):170–185. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00335-024-10029-4>
7. Weir B. S., Cockerham C. C. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*. 1984;38(6):1358–1370. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1984.tb05657.x>
8. Jiang N., Luo C., Shao M., Zheng Z., Ullah S., Ullah Q., Basang W. D. et al. Advancing Yak Breeding in China: Harnessing Genetic Resources and Marker-Assisted Selection for Improved Production Traits. *Pakistan Journal of Zoology*. 2025;57(1):461–476. DOI: <https://dx.doi.org/10.17582/journal.pjz/20230624130639>
9. Ruan D., Yang J., Zhuang Z., Ding R., Huang J., Quan J. et al. Assessment of heterozygosity and genome-wide analysis of heterozygosity regions in two Duroc pig populations. *Frontiers in Genetics*. 2022;12:812456. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.812456>
10. Yang S., Li X., Li K., Fan B., Tang Z. A genome-wide scan for signatures of selection in Chinese indigenous and commercial pig breeds. *BMC genetics*. 2014;15(1):7. DOI: <https://doi.org/10.1186/1471-2156-15-7>
11. Yang B., Cui L., Perez-Enciso M., Traspov A., Crooijmans R. P., Zinovieva N. et al. Genome-wide SNP data unveils the globalization of domesticated pigs. *Genetics Selection Evolution*. 2017;49(1):71. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12711-017-0345-y>

12. Liu H., Hou L., Zhou W., Wang B., Han P., Gao C. et al. Genome-wide association study and FST analysis reveal four quantitative trait loci and six candidate genes for meat color in pigs. *Frontiers in Genetics*. 2022;13:768710. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.768710>
13. Tang Z., Fu Y., Xu J., Zhu M., Li X., Yu M. et al. Discovery of selection-driven genetic differences of Duroc, Landrace, and Yorkshire pig breeds by EigenGWAS and Fst analyses. *Animal Genetics*. 2020;51(4):531–540. DOI: <https://doi.org/10.1111/age.12946>
14. Bovo S., Ribani A., Muñoz M., Alves E., Araujo J. P., Bozzi R. et al. Whole-genome sequencing of European autochthonous and commercial pig breeds allows the detection of signatures of selection for adaptation of genetic resources to different breeding and production systems. *Genetics Selection Evolution*. 2020;52(1):33. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12711-020-00553-7>
15. Hall S. J. Genetic differentiation among livestock breeds—values for Fst. *Animals*. 2022;12(9):1115. DOI: <https://doi.org/10.3390/ani12091115>
16. Maiorano A. M., Lourenco D. L., Tsuruta S., Ospina A. M., Stafuzza N. B., Masuda Y. et al. Assessing genetic architecture and signatures of selection of dual purpose Gir cattle populations using genomic information. *PLoS One*. 2018;13(8):e0200694. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0200694>
17. Wang Y., Niu Z., Zeng Z., Jiang Y., Jiang Y., Ding Y. et al. Using high-density SNP array to reveal selection signatures related to prolificacy in Chinese and Kazakhstan sheep breeds. *Animals*. 2020;10(9):1633. DOI: <https://doi.org/10.3390/ani10091633>
18. Luo W., Luo C., Wang M., Guo L., Chen X., Li Z. et al. Genome diversity of Chinese indigenous chicken and the selective signatures in Chinese gamecock chicken. *Scientific Reports*. 2020;10(1):14532. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-020-71421-z>
19. Bastian F. B., Roux J., Niknejad A., Comte A., Fonseca Costa S. S., De Farias T. M. et al. The Bgee suite: integrated curated expression atlas and comparative transcriptomics in animals. *Nucleic Acids Research*. 2021;49(D1):D831–D847. DOI: <https://doi.org/10.1093/nar/gkaa793>
20. Meyermans R., Gorssen W., Buys N., Janssens S. How to study runs of homozygosity using PLINK? A guide for analyzing medium density SNP data in livestock and pet species. *BMC genomics*. 2020;21(1):94. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12864-020-6463-x>
21. Yang B., Cui L., Perez-Enciso M., Traspov A., Crooijmans R. P., Zinovieva N. et al. Genome-wide SNP data unveils the globalization of domesticated pigs. *Genetics Selection Evolution*. 2017;49:71. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12711-017-0345-y>
22. Кузнецов В. М. Оценка генетической дифференциации популяций молекулярным дисперсионным анализом (аналитический обзор). *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. 2021;22(2):167–187. DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2021.22.2.167-187> EDN: LGYMFT
- Kuznetsov V. M. Assessment of genetic differentiation of populations by analysis of molecular variance (analytical review). *Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka = Agricultural Science Euro-North-East*. 2021;22(2):167–187. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2021.22.2.167-187>
23. Balwierz A., Polus A., Razny U., Wator L., Dyduch G., Tomaszewska R. et al. Angiogenesis in the New Zealand obese mouse model fed with high fat diet. *Lipids in Health and Disease*. 2009;8:13. DOI: <https://doi.org/10.1186/1476-511X-8-13>
24. Moon S., Hwang M. Y., Jang H. B., Han S., Kim Y. J., Hwang J. Y. et al. Whole-exome sequencing study reveals common copy number variants in protocadherin genes associated with childhood obesity in Koreans. *International Journal of Obesity*. 2017;41(4):660–663. DOI: <https://doi.org/10.1038/ijo.2017.12>
25. Jia R., Fu Y., Xu L., Li H., Li Y., Liu L. et al. Associations between polymorphisms of SLC22A7, NGFR, ARNTL and PPP2R2B genes and Milk production traits in Chinese Holstein. *BMC Genomic Data*. 2021;22:47. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12863-021-01002-0>
26. Karthikeyan A., Kumar A., Chaudhary R., Wara A. B., Singh A., Sahoo N. R. et al. Genome-wide association study of birth weight and pre-weaning body weight of crossbred pigs. *The Indian Journal of Animal Sciences*. 2020;90(2):195–200. DOI: <https://doi.org/10.13140/RG.2.2.21171.37923>
27. Garcia-Elfring A., Sabin C. E., Iouchmanov A. L., Roffey H. L., Samudra S. P., Alcalá A. J. et al., Piebaldism and chromatophore development in reptiles are linked to the tfec gene. *Current Biology*. 2023;33(4):755–763. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cub.2023.01.004>
28. Tzika A. C. On the role of TFEC in reptilian coloration. *Frontiers in Cell and Developmental Biology*. 2024;12:1358828. DOI: <https://doi.org/10.3389/fcell.2024.1358828>

**Сведения об авторах**

✉ Романец Тимофей Сергеевич, кандидат с.-х. наук, доцент кафедры, разведения сельскохозяйственных животных, частной зоотехнии и зоогигиены имени академика П. Е. Ладана, ФГБОУ ВО «Донской государственный аграрный университет», ул. Кривошлыкова, 24, п. Персиановский, Российская Федерация, 346493, e-mail: [dongau@mail.ru](mailto:dongau@mail.ru), ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0690-4217>, e-mail: [timofey9258@mail.ru](mailto:timofey9258@mail.ru)

**Бакоев Сирождин Юсуфович**, кандидат с.-х. наук, ведущий научный сотрудник, ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела», ул. Ленина, д. 13, п. Лесные Поляны, г. Пушкино, Московская область, Российская Федерация, 141212, e-mail: [vniiplm@mail.ru](mailto:vniiplm@mail.ru), ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1868-3148>

**Романец Елена Андреевна**, младший научный сотрудник, ФГБОУ ВО «Донской государственный аграрный университет», ул. Кривошлыкова, 24, п. Персиановский, Российская Федерация, 346493, e-mail: [dongau@mail.ru](mailto:dongau@mail.ru), ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2824-9564>

**Колосова Мария Анатольевна**, кандидат с.-х. наук, доцент кафедры разведения сельскохозяйственных животных, частной зоотехнии и зоогигиены имени академика П. Е. Ладана, ФГБОУ ВО «Донской государственный аграрный университет», ул. Кривошлыкова, 24, п. Персиановский, Российская Федерация, 346493, e-mail: [dongau@mail.ru](mailto:dongau@mail.ru), ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2979-7108>

**Луконина Ольга Николаевна**, и.о. директора, ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела», ул. Ленина, д. 13, п. Лесные Поляны, г. Пушкино, Московская область, Российская Федерация, 141212, e-mail: [vniiplm@mail.ru](mailto:vniiplm@mail.ru), ORCID: <https://orcid.org/0009-0004-5369-6555>

**Башмакова Наталия Владимировна**, научный сотрудник, ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела», ул. Ленина, д. 13, п. Лесные Поляны, г. Пушкино, Московская область, Российская Федерация, 141212, e-mail: [vniiplm@mail.ru](mailto:vniiplm@mail.ru), ORCID: <https://orcid.org/0009-0001-4475-4205>

**Ахмедли Вагиф Фаданович**, младший научный сотрудник, ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела», ул. Ленина, д. 13, п. Лесные Поляны, г. Пушкино, Московская область, Российская Федерация, 141212, e-mail: [vniiplm@mail.ru](mailto:vniiplm@mail.ru), ORCID: <https://orcid.org/0009-0006-9199-6270>

**Гетманцева Любовь Владимировна**, доктор биол. наук, ведущий научный сотрудник, ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела», ул. Ленина, д. 13, п. Лесные Поляны, г. Пушкино, Московская область, Российская Федерация, 141212, e-mail: [vniiplm@mail.ru](mailto:vniiplm@mail.ru), ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1868-3148>

#### *Information about the authors*

✉ **Timofey S. Romanets**, PhD in Agricultural Science, assistant professor, the Department of Farm Animal Breeding, Private Zootechnics and Zoogygiene named after academician P. E. Ladan, Don State Agrarian University, st. Krivoshlykova, 24, Persianovsky, Russian Federation, 346493, e-mail: [dongau@mail.ru](mailto:dongau@mail.ru), ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0690-4217>, e-mail: [timofey9258@mail.ru](mailto:timofey9258@mail.ru)

**Sirozhdin Y. Bakoev**, PhD in Agricultural Science, leading researcher, All Russian Research Institute of Animal Breeding, str. Lenin, 13, Lesnye Polyany, Pushkino, Moscow Region, Russian Federation, 141212, e-mail: [vniiplm@mail.ru](mailto:vniiplm@mail.ru), ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1868-3148>

**Elena A. Romanets**, junior researcher, Don State Agrarian University, st. Krivoshlykova, 24, Persianovsky, Russian Federation, 346493, e-mail: [dongau@mail.ru](mailto:dongau@mail.ru), ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2824-9564>

**Maria A. Kolosova**, PhD in Agricultural Science, assistant professor, the Department of Farm Animal Breeding, Private Zootechnics and Zoogygiene named after academician P.E. Ladan, Don State Agrarian University, st. Krivoshlykova, 24, Persianovsky, Russian Federation, 346493, e-mail: [dongau@mail.ru](mailto:dongau@mail.ru), ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2979-7108>

**Olga N. Lukonina**, acting director, All Russian Research Institute of Animal Breeding, str. Lenin, 13, Lesnye Polyany, Pushkino, Moscow Region, Russian Federation, 141212, e-mail: [vniiplm@mail.ru](mailto:vniiplm@mail.ru), ORCID: <https://orcid.org/0009-0004-5369-6555>

**Natalia V. Bashmakova**, researcher, All Russian Research Institute of Animal Breeding, str. Lenin, 13, Lesnye Polyany, Pushkino, Moscow Region, Russian Federation, 141212, e-mail: [vniiplm@mail.ru](mailto:vniiplm@mail.ru), ORCID: <https://orcid.org/0009-0001-4475-4205>

**Vagif F. Akhmedli**, junior researcher, All Russian Research Institute of Animal Breeding, str. Lenin, 13, Lesnye Polyany, Pushkino, Moscow Region, Russian Federation, 141212, e-mail: [vniiplm@mail.ru](mailto:vniiplm@mail.ru), ORCID: <https://orcid.org/0009-0006-9199-6270>

**Lyubov V. Getmantseva**, DSc in Biological Science, leading researcher, All Russian Research Institute of Animal Breeding, str. Lenin, 13, Lesnye Polyany, Pushkino, Moscow Region, Russian Federation, 141212, e-mail: [vniiplm@mail.ru](mailto:vniiplm@mail.ru), ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1868-3148>

✉ – Для контактов / Corresponding author