

А.А. Белоус¹✉**В.Р. Харзинова²****Н.А. Чурбакова²****Н.А. Зиновьева²**

¹Всероссийский научно-исследовательский институт интегрированного рыбоводства – филиал ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста», пос. им. Воровского, Московская обл., Россия

²Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, пос. Дубровицы, г. о. Подольск, Московская обл., Россия

✉ belousa663@gmail.com

Поступила в редакцию: 01.05.2025

Одобрена после рецензирования: 11.09.2025

Принята к публикации: 26.09.2025

© Белоус А.А., Харзинова В.Р.,
Чурбакова Н.А., Зиновьева Н.А.

Anna A. Belous¹✉**Veronika R. Kharzinova²****Nadezhda A. Churbakova²****Natalia A. Zinovieva¹**

¹All-Russian Research Institute of Integrated Fish Farming – branch of L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Vorovsky village, Noginsky district, Moscow region, Russia

²L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Dubrovitsy, Podolsk Municipal District, Moscow Region, Russia

✉ belousa663@gmail.com

Received by the editorial office: 01.05.2025

Accepted in revised: 11.09.2025

Accepted for publication: 26.09.2025

© Belous A.A., Kharzinova V.R.,
Churbakova N.A., Zinovieva N.A.

Генетическая изоляция и идентичность свиней коммерческих пород и мангалицы

РЕЗЮМЕ

Современное свиноводство балансирует между интенсивным производством на основе высокопродуктивных пород (ландрас, крупная белая, дюрок) и сохранением генетического разнообразия аборигенных пород, таких как венгерская мангалица. Данное исследование направлено на выявление геномных различий между этими группами с использованием полногеномного генотипирования (PorcineHD BeadChip, 66 763 SNP) и анализа генетической дифференциации (Fst). При сравнении пород дюрок и мангалица выявлены 67 SNP и 118 генов, включая AHI1 (эмбриональное развитие), APLP2 (толщина шпика), HECTD2 (мясные качества) и VDAC1 (репродукция). Между крупной белой и породой мангалица обнаружены 97% сходства, идентифицированы 228 генов, среди которых MAPK4 (рост), RPAP3 (иммунитет), MGAT5 (внутримышечный жир) и EXOC4 (число сосков). Между породами ландрас и мангалица идентифицированы 82% сходства, обнаружены 195 генов, включая PTPRD (качество мяса), ITGA9 (устойчивость к АЧС) и NCAM2 (однородность потомства). Исследование вносит вклад в понимание генетических механизмов фенотипической изменчивости и предполагает инструменты для повышения эффективности селекции в свиноводстве.

Ключевые слова: SNP, генетическая дифференциация, Fst-анализ, свиньи, крупная белая порода, порода дюрок, порода ландрас, порода мангалица

Для цитирования: Белоус А.А., Харзинова В.Р., Чурбакова Н.А., Зиновьева Н.А. Генетическая изоляция и идентичность свиней коммерческих пород и мангалицы. *Аграрная наука*. 2025; 399(10): 110–120.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-399-10-110-120>

Genetic isolation and identity in pigs of rassian and foreign populations

ABSTRACT

Modern pig production balances between intensive farming using high-performance breeds (Landrace, Large White, Duroc) and the conservation of genetic diversity in native breeds such as the Hungarian Mangalica. This study aims to identify genomic differences between these groups using whole-genome genotyping (PorcineHD BeadChip, 66,763 SNPs) and analysis of genetic differentiation (Fst). Duroc vs. Mangalica: 67 SNPs and 118 genes, including AHI1 (embryonic development), APLP2 (backfat thickness), HECTD2 (meat quality), and VDAC1 (reproduction). A 97% similarity was found between the Large White and Mangalitsa breeds, with 228 genes identified, including MAPK4 (growth), RPAP3 (immunity), MGAT5 (intramuscular fat) and EXOC4 (nipple number). Between the Landrace and Mangalitsa breeds, 82% similarity was identified, 195 genes were found, including PTPRD (meat quality), ITGA9 (ASF resistance) and NCAM2 (offspring uniformity). The study contributes to the understanding of genetic mechanisms of phenotypic variability and offers tools for improving the efficiency of selection in pig production.

Key words: SNP, genetic differentiation, Fst analysis, pigs, Large White breed, Duroc breed, Landrace breed, Mangalitsa breed

For citation: Belous A.A., Kharzinova V.R., Churbakova N.A., Zinovieva N.A. Genetic isolation and identity in pigs of Russian and foreign populations. *Agrarian science*. 2025; 399(10): 110–120 (in Russian).

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-399-10-110-120>

Введение/Introduction

В настоящее время переход к высокопродуктивному и экологически чистому агро- и аквахозяйству, создание безопасных и качественных, в том числе функциональных, продуктов питания являются приоритетами научно-технологического развития нашей страны¹. Для его выполнения необходимо внедрять в системы определения и породоспецифичности животных, новые генетические методы, показавшие достоверность при их применении.

Современное свиноводство сталкивается с необходимостью балансировать между интенсивным производством, основанным на коммерческих породах (таких, как ландрас, крупная белая и дюрок), и сохранением генетического разнообразия уникальных аборигенных пород, таких как венгерская мангалица. Генетическая изоляция изучаемых групп свиней обусловлена различиями в селекционных стратегиях, адаптационных характеристиках и хозяйственном использовании. В то время как коммерческие породы отбираются по признакам скорости роста, мясности и эффективности кормления, мангалица сохраняет черты, ценные для экстенсивного пастбищного содержания, включая устойчивость к болезням, неприхотливость и высокое качество деликатесного мяса [1, 2].

Генетическая идентичность мангалицы, закрепленная в XIX веке, сегодня поддерживается благодаря усилиям селекционеров, тогда как коммерческие породы подвергаются постоянному кроссбредингу для улучшения продуктивности. Изучение геномных различий между этими группами позволяет не только разрабатывать стратегии сохранения биоразнообразия, но и выявлять гены, ассоциированные с ценными хозяйственными признаками, такими как устойчивость к стрессу или качество мраморного мяса [3, 4].

Исследования других авторов подтверждают актуальность темы и предоставляют эмпирические данные о генетических различиях. В работе 2024 года по популяционной структуре мангалицы (Population Subdivision and Migration Assessment) выявлено высокое генетическое разнообразие в венгерской популяции с низким уровнем миграции между стадами (61–75%), что подчеркивает необходимость программ сохранения для предотвращения инбридинга [5]. Аналогично в 2022 году анализ гомозиготности (runs of homozygosity) в локальных породах показал наивысшее разнообразие у красной мангалицы, но высокий инбридинг во всех вариациях породы с дифференциацией от коммерческих линий по генам, связанным с адаптацией [6].

В 2020 году полногеномное секвенирование европейских автохтонных и коммерческих пород (включая мангалицу, ландрас и дюрок) выявило

сигнатуры селекции на SSC1, 5, 9, 10, 11, 13 и 15, ассоциированные с адаптацией к окружающей среде и продуктивностью; автохтонные породы, включая мангалицу, кластеризовались ближе к диким кабанам, подтверждая их роль в сохранении биоразнообразия [7]. Исследование 2020 года с использованием EigenGWAS и Fst-анализа на породах дюрок, ландрас и йоркшир выявило 3062 сигнала селекции, покрывающих 6,54% генома, с генами (например, FSHB, AHR для репродукции; KIT, MC1R для цвета; RETREG1, PPARD для метаболизма жиров), что объясняет различия в росте и метаболизме по сравнению с аборигенными породами [8].

Российские авторы в 2020–2023 годах (паттерн генетического разнообразия локальных и коммерческих пород) отметили консолидированность мангалицы с черно-пестрой и беркширской породами с отличной структурой от коммерческих, подтверждая генетическую изоляцию и потенциал для кроссбрединга [9]. В 2025 году анализ лабораторных популяций (китайские и европейские породы) выявил адаптивные черты, включая устойчивость к стрессу, что актуально для интеграции генов мангалицы в коммерческие линии [10].

Данные результаты подчеркивают, что сохранение мангалицы не только способствует биоразнообразию, но и предоставляет генетический материал для улучшения коммерческих пород, повышая устойчивость и качество продукции в условиях изменяющегося климата.

Цель настоящего исследования — изучение генетического однообразия между венгерской породой мангалица и коммерческими породами свиней — крупной белой, ландрас и дюрок.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

Исследования проводили в 2024–2025 гг.

В качестве биологического материала для исследований была использована ДНК (выщип из ушной раковины) пород свиней дюрок ($n = 802$), ландрас ($n = 640$), мангалица ($n = 49$) и крупная белая ($n = 797$), разводимых в России, депонированных в Уникальной научной установке «Банк генетического материала домашних и диких видов животных и птицы» в составе сетевой биоресурсной коллекции сельскохозяйственных животных, птиц, рыб и насекомых (сБРК СХЖ) (соглашение с Минобрнауки России от 28 сентября 2021 года № 075-15-2021-1037), созданной и поддерживаемой в ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста.

Выделение ДНК проводили в ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста с помощью наборов серии «ДНК-Экстрон-2» (ЗАО «Синтол», Россия) в соответствии с протоколом фирмы-производителя.

¹ Указ Президента Российской Федерации от 28 февраля 2024 года № 145 «О Стратегии научно-технологического развития Российской Федерации».

<http://www.kremlin.ru/acts/bank/50358>

Концентрацию двухцепочечной ДНК определяли с помощью флуориметра Qubit 2.0 (Invitrogen/Life Technologies, США).

Для определения качества измеряли соотношение поглощающей способности образца ДНК на двух длинах волн — 260 нм и 280 нм (OD260/OD280) (спектрофотометр NanoDrop8000, ThermoFisher Scientific, США). Для анализа использовали ДНК с OD260/OD280 = 1,6–1,8. Кроме того, качество ДНК оценивали посредством гель-электрофореза в 1%-ном агарозном геле. Полногеномное генотипирование проводили с использованием высокоплотных ДНК-чипов PorcineHD Genotyping BeadChip (платформа GeneSeek Genomic Profiler, Neogene, США), содержащих 66 763 SNP.

Контроль качества данных, выполненный с использованием PLINK v1.90², определил удаление образцов и SNP ниже уровня генотипирования 95%.

Генетическая дифференциация, основанная на попарных значениях Fst, была рассчитана между всеми SNP с использованием PLINK 1.9 и SNP, входящие в 0,1% максимальных значений Fst, представляли отпечатки селекции.

Для поиска генов, в области которых идентифицированы SNP, использовали геномный ресурс Sscrofa11.1³.

Функциональные аннотации генов выполняли, анализируя отечественные и зарубежные литературные источники Elibrary, Pub Med, «Академия Google» не старше 10 лет.

Результаты и обсуждение / Results and discussion

В результате проведенных исследований после контроля качества осталось: в сравнении мангалицы с породой дюрок — 71 050 SNP, с крупной белой — 71 060 SNP, с породой ландрас — 53 643 SNP.

Как представлено в таблице 1, разница между средними значениями генетической дифференциации показывает

Таблица 1. Среднее значение Fst по изучаемым породам свиней

Table 1. Mean Fst value among studied pig breeds

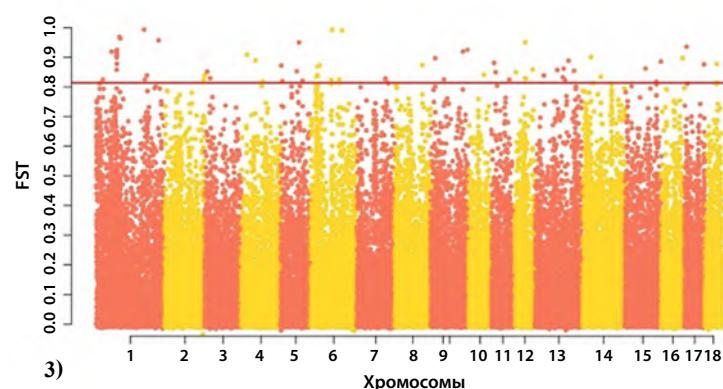
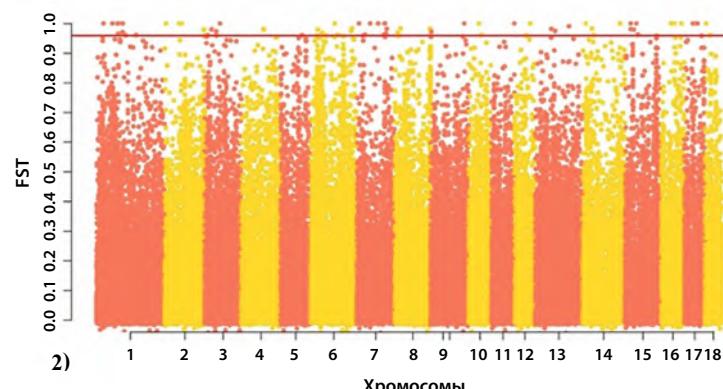
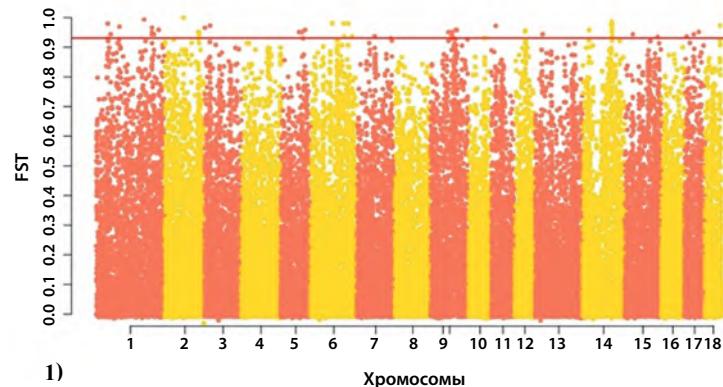
Наименование сравниваемых пород	Среднее значение Fst
Дюрок и мангалица	0,27±0,01
Крупная белая и мангалица	0,17±0,01
Ландрас и мангалица	0,08±0,01

на неравномерное различие между изучаемыми группами пород. Так, между породой дюрок и мангалицей значение Fst 0,27 указывает на умеренную степень различий, где 27% обусловлено различием, остальные 80% — внутрипородной изменчивостью. Наибольшее сходство между породами наблюдается у ландраса и мангалицы, где Fst равен 0,08, или 8% изменчивости между породами.

При сравнительном анализе пород свиней дюрок и мангалица обнаружены 67 однокулеотидных

Рис. 1. Генетическая дифференциация по значениям Fst изучаемых пород свиней (сверху вниз): 1) дюрок и мангалица; 2) крупная белая и мангалица; 3) ландрас и мангалица

Fig. 1. Genetic differentiation by Fst values of the studied pig breeds (from top to bottom): 1) duroc and mangalica; 2) large white and mangalica; 3) landrace and mangalica



² Whole genome association analysis toolset. PLINK 1.90. — URL: <https://www.cog-genomics.org/plink/>

³ Genome assembly Sscrofa11.1. — URL: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/assembly/GCF_000003025.6

полиморфизмов (SNP). Генетическое сходство между данными породами составляет 93%. Обнаружено 118 генов, причем 26 из них содержат указанные SNP. При сравнении другой пары пород (крупной белой и мангалицы) генетическое сходство достигает 97%. Были идентифицированы 228 генов, среди которых 29 содержат SNP.

По третьей паре пород (ландрас и мангалица) уровень генетического сходства составил 82%. Выявлены 195 генов и 28 генов, содержащих SNP соответственно (рис. 1).

Среди 118 обнаруженных генов (при сравнении пород дюрок и мангалица) особый интерес представляют 26 генов, внутри которых найдены SNP при анализе показателя Fst. К ним относятся следующие гены: AHI1, TPD52L1, PREP, DNAJB5, VDAC1, FBXL21, PRKAR1B, LPAR3, SGIP1, DAB1, APLP2, CDK14, MTERF1, MAGI2, PRTFDC1, FREM2, ANKFN1, PCGF5, HECTD2, BTAF1, CPEB3, MARCHF5, EXOC6, MYOF, PDE6C и TRIP12. Указанные гены локализованы на хромосомах 1–3, 6, 9–12, 14 и 15.

Анализ литературы по вышеуказанным генам позволил выявить, что 21 из них ранее имел связь с различными признаками свиней. Например, ген AHI1 принимает участие в эмбриональном и фетальном развитии йоркширской породы свиней [11]. Согласно результатам метаанализа, касающегося среднесуточного прироста свиней породы дюрок, был обнаружен ген TPD52L1 [12]. Исследования S. Moon и колл. (2015), проводившиеся на йоркширской популяции свиней, выявили связь гена DNAJB5 с белым окрасом шкуры животных [13].

Известно, что ген VDAC1 находится в плазматической мемbrane ооцитов свиньи и окружает кортикальную область. Этот ген синтезируется в ооцитах на стадиях зародышевого пузырька и мейоза II. Кроме того, он располагается в участках генома с высокой степенью гомозиготности (ROH), которые связаны с репродуктивными признаками свиней китайской породы мейшан [14]. Установлено, что ген PRKAR1B, находящийся на участке хромосомы 3, тесно взаимодействует с генами PDGFA и DNAAF5, участвующими в синтезе тестостерона у свиней [15].

Белок Disabled-1 (DAB1) представляет собой адаптерный белок, играющий ключевую роль во внутриклеточной передаче сигналов от релина (важного внеклеточного белка, регулирующего развитие мозга у позвоночных). Экспрессия этого гена наблюдается в развивающихся областях коры головного мозга и мозжечка свиней [16].

Ранее проведенный анализ Fst между свиньями пород дюрок и кемеровская выявил ген APLP2, что свидетельствует о его специфичности для породы дюрок. Более того, этот ген коррелирует с толщиной шпика у помесных свиней второго поколения [17]. Исследования S. Kim и соавт. (2020) показывают, что ген CDK14 важен для динамики регуляции генов в процессе развития β - и

α -клеток свиньи, способствуя клеточному делению и прогрессии клеточного цикла [18].

Ген MAGI2 был отмечен в работах по изучению транскриптов свиней с пищевой мышечной дистрофией породы шацзилин. Он выступает в качестве маркера, определяющего дифференциацию сперматогониальных стволовых клеток [19, 20]. Активируемый по экспрессии ген PRTFDC1 функционирует одинаково как у кур, так и у свиней. Его основная роль заключается в обеспечении функционирования обонятельных рецепторов [21]. Связанный с живой массой поросят при переходе на доращивание ген FREM2 характеризуется несколькими ассоциациями с ранними стадиями развития организма [22].

Исследование D.N. Do и колл. (2013) установило взаимосвязь гена ANKFN1 с суточным потреблением корма у свиней породы дюрок, что подтверждает его влияние на поведение животных относительно кормления [23]. Ген PCGF5 был выявлен при сравнении африканских и коммерческих пород свиней, включая породу дюрок. Использованные методы анализа (iHS, XP-EHH и HarFLK) позволяют предположить уникальную природу данного гена и его закрепление в определенной породной популяции [24].

Ген HECTD2 был обнаружен и при анализе Fst между свиньями породы дюрок и африканскими породами. Установлена его ассоциация с мясными качествами [25].

Согласно исследованию M. Zappaterra и соавт. (2020), ген BTAF1 коррелирует с геном ТВР, совместно вызывая серьезные нарушения накопления липидов. Предполагается, что оба гена играют значимую роль в регуляции транскриптомного каскада, связанного с различиями в отложении внутримышечного жира у свиней крупной белой породы [26]. Высококачественная сперма хряков, положительно влияющая на fertильность потомства, связана с функционированием гена CPEB3 [27].

Российский ученый И. Чернуха и соавт. (2022 г.) определили, что ген MARCHF5 является характерным признаком свиней породы дюрок [28]. Ассоциированный с нарушениями работы поджелудочной железы у мини-свиней породы Бама ген EXOC6 подчеркивает важность сбалансированного рациона питания [29]. Одним из недавно открытых маркеров, участвующих в процессе воскуляризации преовуляторных ооцитов в период роста и созревания, является ген MYOF. Помимо этого, он оказывает влияние на рост скелетных мышц у свиней крупной белой породы [30, 31].

Коммерческие породы свиней (дюрок, ландрас и крупная белая) характеризуются наличием гена PDE6C, ассоциированного с хозяйственно ценными признаками, важными для селекции. Биологическая значимость этого гена проявляется в его связи с остротой зрения, причем мутации способны привести к ее потере [32–34].

Наконец, ген TRIP12 оказался связанным с вла-гоудерживающими свойствами мяса у помесных свиней [35].

Попарный генетический анализ пород крупная белая и мангилица обнаружил 228 генов, из которых 29 содержат внутри себя SNP. Среди них выделяются такие гены, как KLHL32, PNISR, HMGN3, MAPK4, CARM1, TYW1, NME7, RPAP3, APCDD1, DAB1, TXNDC5, CCND3, EXD2, ZFYVE1, TGFB3, IFT43, NTRK2, WAC, TEX29, TEX14, RTN4RL1, R3HCC1, RNF34, MGAT5, MCPH1, ANXA6, PROCR, MROH8 и EXOC4.

Литературный обзор указанных генов подтвердил наличие аннотаций по 15 из них применительно к сфере свиноводства. Например, митогенактивируемая протеинкиназа 4 (MAPK4) способствует увеличению массы тела свиней йоркширской породы благодаря участию в процессах усвоения и расщепления углеводов и образования жиров [36]. Аргининметилтрансфераза 1 (CARM1) была исследована ученым Z. Cao и колл. (2021) и признана важным фактором развития бластоцисты, что крайне актуально для вопросов воспроизведения [37]. Иммунореактивный ген RPAP3, связанный с эффективной работой иммунной системы, низким уровнем потребления пищи и повышенной питательностью, был выявлен при геномном картировании образцов кожи и эмбрионов свиней 101 породы [38].

Китайский исследователь B. Zhang и колл. (2025) установили, что ген APCDD1 вовлечен в сигнальный путь Wnt (KEGG), представляющий древний механизм регулирования процессов развития тканей, поддерживающий гомеостаз и обеспечивающий нормальное течение эмбриогенеза и клеточную дифференцировку [39]. Метод полногеномного ассоциативного анализа на основе геномных оценок племенной ценности позволил обнаружить ген CCND3, оказывающий влияние на средний вес новорожденных поросят [40].

Последовательное изучение генома свиней китайской породы лицзян позволило выявить ген ZFYVE1, действующий совместно с генами FAM161B, LIN52 и VRTN и влияющий на формирование грудного отдела позвоночника [41]. За вариацию количества ребер у свиней несет ответственность ген TGFB3 [42]. Маркером, определяющим число сосков у свиноматок крупной белой породы, признан ген IFT43 [43].

Z. Yan и колл. (2024) провели исследование транскриптома сперматогенеза у четырехмесячных половозрелых свиней местной китайской породы и обнаружили, что ген TEX29, ответственный за воспроизводительные показатели, проявляет активность в сперматидах и образует кластеры вместе с генами ACRV1, ACR и SPACA1 [44]. Напротив, ген TEX14 способен приводить к бесплодию у свиней [45].

Ученый D. Crespo-Piazuelo и колл. (2023) отметили, что ген R3HCC1 демонстрирует предрасположенность к заболеванию сальмонеллезом,

однако после инфицирования его экспрессия снижается в нейтрофилах свиней [46].

Впервые роль гена ANXA6 в формировании трофэктоцермы бластоцист свиней была установлена исследователем P. Ramos-Ibeas и колл. (2019). Полученная информация важна для разработки методов трансплантации эмбрионов [47].

Ген MGAT5 был выявлен при сопоставлении свиней местных корейских пород с коммерческой породой йоркшир. Известно, что он связан с накоплением внутримышечного жира у свиней породы крупная белая, что критически важно при производстве продуктов типа хамон [48, 49].

Y. He и колл. (2021) зафиксировали SNP rs81471943 (С/T), располагающийся в гене EXOC4. Проведенный ими анализ связи между генотипом EXOC4 и репродуктивной функцией свиней породы дюрок выявил три варианта генотипа (CC, CT и TT), при этом аллель С оказался преобладающим [50].

Ранние исследования S.C. Hernandez (2014), T. Tribout (2008) и N. Duijvesteijn и колл. (2014) подтвердили существование трех количественных признаков (QTL) на 18-й хромосоме, достоверно связанных с количеством сосков. Таким образом, ген EXOC4 потенциально влияет на лактационные показатели свиней коммерческих пород [51–53].

Сравнительное исследование пород ландрас и мангилица выявило 195 генов, из которых 28 содержат внутри себя SNP. К таким генам относятся ZBTB2, ARMC2, MLLT3, PTPRD, JAKMIP2, BAIAP2L1, RB1CC1, EFCAB6, SLC41A2, CDH8, KAZN, NDC80, FHOD3, SIPA1L1, GAB2, COLGALT2, FRMD4A, FRY, TRPC4, UGGT2, ANKFN1, MSI2, ITGA9, NMNAT3, NCAM2, HDAC4, ADCY2 и BBS9.

Проведенный анализ литературных источников показал, что 17 из перечисленных генов были описаны в предшествующих исследованиях. Например, ген ARMC2, согласно работе E. Dervishi и колл. (2023), взаимосвязан с аминокислотами L-гистидин и L-лизин в популяции гибридных свиней-кресцебредов F1 ($n = 968$) [54]. Аналогичные сведения представлены в исследовании W. Chen и колл. (2023), где показано взаимодействие этого гена с возрастным достижением живым весом 100 кг у свиней породы дюрок [55].

Содержание внутримышечного жира (IMF) у 914 свиней иберийской породы связано с геном MLLT3. Транскриптомный анализ РНК длиннейшей мышцы спины выявил этот ген как перспективный маркер для улучшения мясных характеристик, таких как мраморность и сочность мяса [56].

Другой важный ген — PTPRD (белок тирозиновая фосфатаза), играющий существенную роль в улучшении качества свинины [57, 58]. Особое внимание заслуживает работа M. Raschetti и соавт. (2013), где были проанализированы пять SNP у 560 итальянских свиней крупной белой породы с экстремальными оценками племенной ценности (EBV) по толщине жира. Дополнительно рассматривались 600 особей трех итальянских

пород (крупная белая, дюрок, ландрас) с лучшими EBV по признакам толщины жира и скорости роста. Исследование показало, что мутация PIK3R2 c.2966C > T значительно связана с такими показателями, как толщина шпика, среднесуточный прирост, скорость конверсии корма и выход постного мяса. Другой SNP — PTPRD c.2680C > T — продемонстрировал значимую связь с весом бедра у свиней крупной белой породы [59].

Анализ полногеномных ассоциативных исследований по количеству мертворожденных поросят у свиней крупной белой породы выявил ген BAIAP2L1, увеличивающий вероятность этого неблагоприятного явления [59]. Исследования на свиньях йоркширской породы, выращиваемых в Корее, показали, что ген CDH8 связан с толщиной шпика. По терминологии генной онтологии он относится к организации адгезивных соединений, кальцийзависимой межклеточной адгезии, сборке межклеточных соединений и комплексу катенина [60].

Российские ученые установили, что ген KAZN влияет на количество живорожденных поросят у свиней крупной белой породы [61]. Еще один ген — ADCY2 — у этой породы связан с репродуктивными признаками, такими как возраст первого осеменения и первого опороса [62]. Ген FHOD3 рассматривается как один из кандидатов, сцепленных с воспроизводственными характеристиками свиней породы дюрок и мясными качествами товарных гибридов третьего поколения [63, 64]. Мутация гена BBS9 увеличивает смертность поросят свиней коммерческих пород [65].

Исследователь S. Bovo и соавт. (2022) на выборке из 1000 свиней породы дюрок итальянской селекции выявили потенциальный QTL на хромосоме 10, содержащий область гена FRMD4A [66]. Ген TRPC4 был найден в зонах выбросов Fst у свиней крупной белой породы, выращиваемых на одной ферме в разные периоды: группа LW_A (2008–2010 гг., российская селекция) и группа LW_B (2014–2016 гг., европейская селекция) [33].

Ген ANKFN1 ранее был идентифицирован как фактор риска расстройств, связанных с употреблением психоактивных веществ у людей. Однако в исследованиях D.N. Do и соавт. (2013) он оказался связан с кормовым поведением свиней породы дюрок [23, 67]. Эти же авторы выявили ген MIS2 (гомолог 2 Musashi), который коррелирует с количеством ежедневных визитов к кормушке и кодирует РНК-связывающий белок, играющий важную роль в посттранскрипционной регуляции генов у млекопитающих [23].

Исследование F. Qi (2024) на двух группах свиней китайской породы Xiang показало, что ген ITGA9 (расположен на 13-й хромосоме, SNP ALGA0116366) предположительно участвует в адаптации организма к вирусу африканской чумы свиней (АЧС) [68].

Зоотехническими показателями (живой массой, экстерьером, возрастом и физиологическим

состоянием) однородности поросят управляет ген NCAM2. Благодаря этому показателю возможно повышение эффективности производства свинины, как отмечено в исследованиях Y.X. Zhao и соавт. (2022) [40].

Ген NMNAT3, изучавшийся на свиньях пекинской черной породы, связан с потерей влаги в мясе и, вероятно, влияет на метаболизм мышечной ткани и водный баланс клеток [69].

Ген HDAC4 регулирует процессы миогенеза у свиней, стимулируя пролиферацию и миграцию клеток скелетных мышц на уровне экспрессии мРНК и белков [70].

Все вышеуказанные гены удовлетворяют функциональному критерию, поскольку обладают доказанной взаимосвязью с биологическими признаками. Они являются ключевыми участниками фенотипических различий между основными породами свиней, такими как крупная белая, ландрас, дюрок и мангалица.

Выходы/Conclusions

В ходе исследования проведено генетическое сравнение свиней пород дюрок, крупная белая и ландрас с мангалицей, что позволило выявить значимые SNP и гены, ассоциированные с ключевыми хозяйственными полезными признаками.

При сравнении пород дюрок и мангалица, генетическое сходство которых составляет 93%, обнаружены 67 SNP и 118 генов, из которых 26 содержат SNP, включая гены, связанные с ростом (AH11, TPD52L1), мясными качествами (APLP2, HECTD2), репродукцией (VDAC1, PRKAR1B) и обменом веществ (DNAJB5, FBXL21).

У пород крупная белая и мангалица (97% сходства) выявлены 228 генов, из которых 29 содержат SNP, включая гены, влияющие на развитие (MAPK4, CARM1), иммунитет (RPAP3), качество мяса (MGAT5) и репродукцию (EXOC4).

Для ландраса и мангалицы (82% сходства) идентифицированы 195 генов, из которых 28 содержат SNP, в том числе гены, связанные с мясными характеристиками (PTPRD, MLLT3), устойчивостью к болезням (ITGA9) и однородностью потомства (NCAM2).

Полученные данные могут быть использованы для:

- 1) селекции — маркер-опосредованный отбор по генам, влияющий на продуктивность и устойчивость;
- 2) гибридизации — контроль генетического сходства и различий при скрещивании пород;
- 3) биотехнологий — разработка ДНК-тестов для паспортизации и оценки племенной ценности животных.

Таким образом, проведенное исследование расширяет понимание генетических основ фенотипических различий между породами свиней и предоставляет ценные молекулярные маркеры для совершенствования селекционных программ в свиноводстве.

Все авторы несут ответственность за работу и представленные данные. Все авторы внесли равный вклад в работу. Авторы в равной степени принимали участие в написании рукописи и несут равную ответственность за plagiat. Авторы объявили об отсутствии конфликта интересов.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Работа выполнена за счет финансовой поддержки РНФ (проект № 23-46-00014 «Исследование эволюционных событий и поиск общих геномных компонентов у домашних и диких представителей вида *Sus scrofa* азиатского и европейского происхождений с использованием полногеномного анализа»).

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Liu H. *et al.* Genome-Wide Association Study and F_{st} Analysis Reveal Four Quantitative Trait Loci and Six Candidate Genes for Meat Color in Pigs. *Frontiers in Genetics*. 2022; 13: 768710. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.768710>
2. Hu Z. *et al.* Unveiling the Genetic Secrets of Chinese Indigenous Pigs from Guizhou Province: Diversity, Evolution and Candidate Genes Affecting Pig Coat Color. *Animals*. 2024; 14(5): 699. <https://doi.org/10.3390/ani14050699>
3. Nguyen A.T., Kovér G., Farkas J., Bokor Á., Tóth P., Nagy I. Analysis of genetic variability and population structure of the Mangalica pig breed using pedigree data. *Livestock Science*. 2023; 273: 105265. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2023.105265>
4. Posta J., Szabó P., Komlósi I. Pedigree Analysis of Mangalica Pig Breeds. *Annals of Animal Science*. 2016; 16(3): 701–709. <https://doi.org/10.1515/aoas-2015-0075>
5. Nguyen A.T., Kovér G., Tóth P., Curik I., Bokor Á., Nagy I. Population Subdivision and Migration Assessment of Mangalica Pig Breeds Based on Pedigree Analysis. *Animals*. 2024; 14(4): 653. <https://doi.org/10.3390/ani14040653>
6. Addo S., Jung L. An insight into the runs of homozygosity distribution and breed differentiation in Mangalitsa pigs. *Frontiers in Genetics*. 2022; 13: 909986. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.909986>
7. Bovo S. *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: 33. <https://doi.org/10.1186/s12711-020-00553-7>
8. Tang Z. *et al.* Discovery of selection-driven genetic differences of Duroc, Landrace, and Yorkshire pig breeds by Eigen GWAS and F_{st} analyses. *Animal Genetics*. 2020; 51(4): 531–540. <https://doi.org/10.1111/age.12946>
9. Харзинова В.Р., Зиновьева Н.А. Паттерн генетического разнообразия у свиней локальных и коммерческих пород на основе анализа микросателлитов. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2020; 24(7): 747–754 (на англ. яз.). <https://doi.org/10.18699/VJ20.669>
10. Yuan H. *et al.* Unraveling the genetic diversity and adaptive traits of laboratory pig breeds within the perspective of whole — genome resequencing. *BMC Genomics*. 2025; 26: 604. <https://doi.org/10.1186/s12864-025-11790-9>
11. Zhang L. *et al.* Genome-Wide Association Studies and Runs of Homozygosity to Identify Reproduction-Related Genes in Yorkshire Pig Population. *Genes*. 2023; 14(12): 2133. <https://doi.org/10.3390/genes14122133>
12. Zhou S. *et al.* A meta-analysis of genome-wide association studies for average daily gain and lean meat percentage in two Duroc pig populations. *BMC Genomics*. 2021; 22: 12. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-07288-1>
13. Moon S. *et al.* A genome-wide scan for signatures of directional selection in domesticated pigs. *BMC Genomics*. 2015; 16: 130. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1330-x>
14. Tong S.-f., Zhu M., Xie R., Li D.-f., Zhang L.-f., Liu Y. Genome-wide detection for runs of homozygosity analysis in three pig breeds from Chinese Taihu Basin and Landrace pigs by SLAF-seq data. *Journal of Integrative Agriculture*. 2022; 21(11): 3293–3301. <https://doi.org/10.1016/j.jia.2022.08.061>
- All authors bear responsibility for the work and presented data. All authors made an equal contribution to the work. The authors were equally involved in writing the manuscript and bear the equal responsibility for plagiarism. The authors declare no conflict of interest.

FUNDING

The work was carried out with the financial support of the Russian Science Foundation (project No. 23-46-00014 "Investigation of evolutionary events and search for common genomic components in domestic and wild representatives of the species *Sus scrofa* of Asian and European origin using genome-wide analysis").

REFERENCES

1. Liu H. *et al.* Genome-Wide Association Study and F_{st} Analysis Reveal Four Quantitative Trait Loci and Six Candidate Genes for Meat Color in Pigs. *Frontiers in Genetics*. 2022; 13: 768710. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.768710>
2. Hu Z. *et al.* Unveiling the Genetic Secrets of Chinese Indigenous Pigs from Guizhou Province: Diversity, Evolution and Candidate Genes Affecting Pig Coat Color. *Animals*. 2024; 14(5): 699. <https://doi.org/10.3390/ani14050699>
3. Nguyen A.T., Kovér G., Farkas J., Bokor Á., Tóth P., Nagy I. Analysis of genetic variability and population structure of the Mangalica pig breed using pedigree data. *Livestock Science*. 2023; 273: 105265. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2023.105265>
4. Posta J., Szabó P., Komlósi I. Pedigree Analysis of Mangalica Pig Breeds. *Annals of Animal Science*. 2016; 16(3): 701–709. <https://doi.org/10.1515/aoas-2015-0075>
5. Nguyen A.T., Kovér G., Tóth P., Curik I., Bokor Á., Nagy I. Population Subdivision and Migration Assessment of Mangalica Pig Breeds Based on Pedigree Analysis. *Animals*. 2024; 14(4): 653. <https://doi.org/10.3390/ani14040653>
6. Addo S., Jung L. An insight into the runs of homozygosity distribution and breed differentiation in Mangalitsa pigs. *Frontiers in Genetics*. 2022; 13: 909986. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.909986>
7. Bovo S. *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: 33. <https://doi.org/10.1186/s12711-020-00553-7>
8. Tang Z. *et al.* Discovery of selection-driven genetic differences of Duroc, Landrace, and Yorkshire pig breeds by Eigen GWAS and F_{st} analyses. *Animal Genetics*. 2020; 51(4): 531–540. <https://doi.org/10.1111/age.12946>
9. Kharzinova V.R., Zinov'eva N.A. The pattern of genetic diversity of different breeds of pigs based on microsatellite analysis. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2020; 24(7): 747–754. <https://doi.org/10.18699/VJ20.669>
10. Yuan H. *et al.* Unraveling the genetic diversity and adaptive traits of laboratory pig breeds within the perspective of whole — genome resequencing. *BMC Genomics*. 2025; 26: 604. <https://doi.org/10.1186/s12864-025-11790-9>
11. Zhang L. *et al.* Genome-Wide Association Studies and Runs of Homozygosity to Identify Reproduction-Related Genes in Yorkshire Pig Population. *Genes*. 2023; 14(12): 2133. <https://doi.org/10.3390/genes14122133>
12. Zhou S. *et al.* A meta-analysis of genome-wide association studies for average daily gain and lean meat percentage in two Duroc pig populations. *BMC Genomics*. 2021; 22: 12. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-07288-1>
13. Moon S. *et al.* A genome-wide scan for signatures of directional selection in domesticated pigs. *BMC Genomics*. 2015; 16: 130. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1330-x>
14. Tong S.-f., Zhu M., Xie R., Li D.-f., Zhang L.-f., Liu Y. Genome-wide detection for runs of homozygosity analysis in three pig breeds from Chinese Taihu Basin and Landrace pigs by SLAF-seq data. *Journal of Integrative Agriculture*. 2022; 21(11): 3293–3301. <https://doi.org/10.1016/j.jia.2022.08.061>

15. Wu J. et al. Whole-genome *de novo* sequencing reveals genomic variants associated with differences of sex development in SRY negative pigs. *Biology of Sex Differences*. 2024; 15: 68. <https://doi.org/10.1186/s13293-024-00644-w>
16. Long H. et al. Identification of alternatively spliced Dab1 and Fyn isoforms in pig. *BMC Neuroscience*. 2011; 12: 17. <https://doi.org/10.1186/1471-2202-12-17>
17. Fernández A.I. et al. Genome-wide linkage analysis of QTL for growth and body composition employing the PorcineSNP60 BeadChip. *BMC Genetics*. 2012; 13: 41. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-13-41>
18. Kim S. et al. Molecular and genetic regulation of pig pancreatic islet cell development. *Development*. 2020; 147(6): dev186213. <https://doi.org/10.1242/dev.186213>
19. Zhang K. et al. Multi-Omics Profiling Reveals Se Deficiency-Induced Redox Imbalance, Metabolic Reprogramming, and Inflammation in Pig Muscle. *The Journal of Nutrition*. 2022; 152(5): 1207–1219. <https://doi.org/10.1093/jn/nxac016>
20. Tang X. et al. Single-Nucleus RNA-Seq Reveals Spermatogonial Stem Cell Developmental Pattern in Shaziling Pigs. *Biomolecules*. 2024; 14(6): 607. <https://doi.org/10.3390/biom14060607>
21. Uno M., Bono H. Transcriptional Signatures of Domestication Revealed through Meta-Analysis of Pig, Chicken, Wild Boar, and Red Junglefowl Gene Expression Data. *Animals*. 2024; 14(13): 1998. <https://doi.org/10.3390/ani14131998>
22. Óvilo C. et al. SNP discovery and association study for growth, fatness and meat quality traits in Iberian crossbred pigs. *Scientific Reports*. 2022; 12: 16361. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-20817-0>
23. Do D.N., Strathe A.B., Ostersen T., Jensen J., Mark T., Kadarmideen H.N. Genome-Wide Association Study Reveals Genetic Architecture of Eating Behavior in Pigs and Its Implications for Humans Obesity by Comparative Mapping. *PLoS ONE*. 2013; 8(8): e71509. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0071509>
24. Hlongwane N.L., Dzomba E.F., Hadebe K., van der Nest M.A., Pierneef R., Muchadeyi F.C. Identification of Signatures of Positive Selection That Have Shaped the Genomic Landscape of South African Pig Populations. *Animals*. 2024; 14(2): 236. <https://doi.org/10.3390/ani14020236>
25. Hlongwane N.L., Hadebe K., Soma P., Dzomba E.F., Muchadeyi F.C. Genome Wide Assessment of Genetic Variation and Population Distinctiveness of the Pig Family in South Africa. *Frontiers in Genetics*. 2020; 11: 344. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00344>
26. Zappaterra M., Gioiosa S., Chillemi G., Zambonelli P., Davoli R. Muscle transcriptome analysis identifies genes involved in ciliogenesis and the molecular cascade associated with intramuscular fat content in Large White heavy pigs. *PLoS ONE*. 2020; 15(5): e0233372. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0233372>
27. Alvarez-Rodriguez M., Martinez C., Wright D., Barranco I., Roca J., Rodriguez-Martinez H. The Transcriptome of Pig Spermatozoa, and Its Role in Fertility. *International Journal of Molecular Sciences*. 2020; 21(5): 1572. <https://doi.org/10.3390/ijms21051572>
28. Chernukha I., Abdelmanova A., Kotenkova E., Kharzinova V., Zinovieva N.A. Assessing Genetic Diversity and Searching for Selection Signatures by Comparison between the Indigenous Livni and Duroc Breeds in Local Livestock of the Central Region of Russia. *Diversity*. 2022; 14(10): 859. <https://doi.org/10.3390/d14100859>
29. Niu M., Zhao Y., Jia Y., Xiang L., Dai X., Chen H. Whole-genome sequencing study to identify candidate markers indicating susceptibility to type 2 diabetes in Bama miniature pigs. *Animal Models and Experimental Medicine*. 2023; 6(4): 283–293. <https://doi.org/10.1002/ame2.12317>
30. Borowiec B.M. et al. New Gene Markers Regulating the Process of Vascularization in Pig Preovulatory Oocytes during Growth and Maturation. *Journal of Biological Regulators and Homeostatic Agents*. 2024; 38(4): 2807–2824. <https://doi.org/10.23812/j.biol.regul.homeost.agents.20243804.219>
31. Xiong H., Zhang Y., Zhao Z., Sha Q. Whole-genome SNP allele frequency differences between Tibetan and Large white pigs reveal genes associated with skeletal muscle growth. *BMC Genomics*. 2024; 25: 588. <https://doi.org/10.1186/s12864-024-10508-7>
15. Wu J. et al. Whole-genome *de novo* sequencing reveals genomic variants associated with differences of sex development in SRY negative pigs. *Biology of Sex Differences*. 2024; 15: 68. <https://doi.org/10.1186/s13293-024-00644-w>
16. Long H. et al. Identification of alternatively spliced Dab1 and Fyn isoforms in pig. *BMC Neuroscience*. 2011; 12: 17. <https://doi.org/10.1186/1471-2202-12-17>
17. Fernández A.I. et al. Genome-wide linkage analysis of QTL for growth and body composition employing the PorcineSNP60 BeadChip. *BMC Genetics*. 2012; 13: 41. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-13-41>
18. Kim S. et al. Molecular and genetic regulation of pig pancreatic islet cell development. *Development*. 2020; 147(6): dev186213. <https://doi.org/10.1242/dev.186213>
19. Zhang K. et al. Multi-Omics Profiling Reveals Se Deficiency-Induced Redox Imbalance, Metabolic Reprogramming, and Inflammation in Pig Muscle. *The Journal of Nutrition*. 2022; 152(5): 1207–1219. <https://doi.org/10.1093/jn/nxac016>
20. Tang X. et al. Single-Nucleus RNA-Seq Reveals Spermatogonial Stem Cell Developmental Pattern in Shaziling Pigs. *Biomolecules*. 2024; 14(6): 607. <https://doi.org/10.3390/biom14060607>
21. Uno M., Bono H. Transcriptional Signatures of Domestication Revealed through Meta-Analysis of Pig, Chicken, Wild Boar, and Red Junglefowl Gene Expression Data. *Animals*. 2024; 14(13): 1998. <https://doi.org/10.3390/ani14131998>
22. Óvilo C. et al. SNP discovery and association study for growth, fatness and meat quality traits in Iberian crossbred pigs. *Scientific Reports*. 2022; 12: 16361. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-20817-0>
23. Do D.N., Strathe A.B., Ostersen T., Jensen J., Mark T., Kadarmideen H.N. Genome-Wide Association Study Reveals Genetic Architecture of Eating Behavior in Pigs and Its Implications for Humans Obesity by Comparative Mapping. *PLoS ONE*. 2013; 8(8): e71509. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0071509>
24. Hlongwane N.L., Dzomba E.F., Hadebe K., van der Nest M.A., Pierneef R., Muchadeyi F.C. Identification of Signatures of Positive Selection That Have Shaped the Genomic Landscape of South African Pig Populations. *Animals*. 2024; 14(2): 236. <https://doi.org/10.3390/ani14020236>
25. Hlongwane N.L., Hadebe K., Soma P., Dzomba E.F., Muchadeyi F.C. Genome Wide Assessment of Genetic Variation and Population Distinctiveness of the Pig Family in South Africa. *Frontiers in Genetics*. 2020; 11: 344. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00344>
26. Zappaterra M., Gioiosa S., Chillemi G., Zambonelli P., Davoli R. Muscle transcriptome analysis identifies genes involved in ciliogenesis and the molecular cascade associated with intramuscular fat content in Large White heavy pigs. *PLoS ONE*. 2020; 15(5): e0233372. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0233372>
27. Alvarez-Rodriguez M., Martinez C., Wright D., Barranco I., Roca J., Rodriguez-Martinez H. The Transcriptome of Pig Spermatozoa, and Its Role in Fertility. *International Journal of Molecular Sciences*. 2020; 21(5): 1572. <https://doi.org/10.3390/ijms21051572>
28. Chernukha I., Abdelmanova A., Kotenkova E., Kharzinova V., Zinovieva N.A. Assessing Genetic Diversity and Searching for Selection Signatures by Comparison between the Indigenous Livni and Duroc Breeds in Local Livestock of the Central Region of Russia. *Diversity*. 2022; 14(10): 859. <https://doi.org/10.3390/d14100859>
29. Niu M., Zhao Y., Jia Y., Xiang L., Dai X., Chen H. Whole-genome sequencing study to identify candidate markers indicating susceptibility to type 2 diabetes in Bama miniature pigs. *Animal Models and Experimental Medicine*. 2023; 6(4): 283–293. <https://doi.org/10.1002/ame2.12317>
30. Borowiec B.M. et al. New Gene Markers Regulating the Process of Vascularization in Pig Preovulatory Oocytes during Growth and Maturation. *Journal of Biological Regulators and Homeostatic Agents*. 2024; 38(4): 2807–2824. <https://doi.org/10.23812/j.biol.regul.homeost.agents.20243804.219>
31. Xiong H., Zhang Y., Zhao Z., Sha Q. Whole-genome SNP allele frequency differences between Tibetan and Large white pigs reveal genes associated with skeletal muscle growth. *BMC Genomics*. 2024; 25: 588. <https://doi.org/10.1186/s12864-024-10508-7>

32. Bertolini F. et al. Signatures of selection analyses reveal genomic differences among three heavy pig breeds that constitute the genetic backbone of a dry-cured ham production system. *Animal*. 2024; 18(11): 101335.
<https://doi.org/10.1016/j.animal.2024.101335>
33. Kolosov A. et al. Investigation of the Genetic Architecture of Pigs Subjected to Breeding Intensification. *Genes*. 2022; 13(2): 197.
<https://doi.org/10.3390/genes13020197>
34. Ponsuksili S., Trakooljul N., Basavaraj S., Hadlich F., Murani E., Wimmers K. Epigenome-wide skeletal muscle DNA methylation profiles at the background of distinct metabolic types and ryanodine receptor variation in pigs. *BMC Genomics*. 2019; 20: 492.
<https://doi.org/10.1186/s12864-019-5880-1>
35. Loan H.T.P., Murani E., Maak S., Ponsuksili S., Wimmers K. Novel SNPs of the porcine *TRIP12* are associated with water holding capacity of meat. *Czech Journal of Animal Science*. 2013; 58(11): 525–533.
<https://doi.org/10.17221/7048-cjas>
36. Liu H. et al. A Single-Step Genome Wide Association Study on Body Size Traits Using Imputation-Based Whole-Genome Sequence Data in Yorkshire Pigs. *Frontiers in Genetics*. 2021; 12: 629049.
<https://doi.org/10.3389/fgene.2021.629049>
37. Cao Z. et al. Arginine Methyltransferase CARM1-Mediated H3R26me2 Is Essential for Morula-to-Blastocyst Transition in Pigs. *Frontiers in Cell and Developmental Biology*. 2021; 9: 678282.
<https://doi.org/10.3389/fcell.2021.678282>
38. Yang L. et al. Mapping and functional characterization of structural variation in 1060 pig genomes. *Genome Biology*. 2024; 25: 116.
<https://doi.org/10.1186/s13059-024-03253-3>
39. Zhang B. et al. Mining of candidate genes related to body size in Chinese native pig breeds based on public data. *Scientific Reports*. 2025; 15: 9793.
<https://doi.org/10.1038/s41598-025-88583-3>
40. Zhao Y.X. et al. Genome-wide association studies uncover genes associated with litter traits in the pig. *Animal*. 2022; 16(12): 100672.
<https://doi.org/10.1016/j.animal.2022.100672>
41. Yang R. et al. Genetic introgression from commercial European pigs to the indigenous Chinese Lijiang breed and associated changes in phenotypes. *Genetics Selection Evolution*. 2024; 56: 24.
<https://doi.org/10.1186/s12711-024-00893-8>
42. Zhu J. et al. A systems genetics study of swine illustrates mechanisms underlying human phenotypic traits. *BMC Genomics*. 2015; 16: 88.
<https://doi.org/10.1186/s12864-015-1240-y>
43. Verardo L.L. et al. Revealing new candidate genes for reproductive traits in pigs: combining Bayesian GWAS and functional pathways. *Genetics Selection Evolution*. 2016; 48: 9.
<https://doi.org/10.1186/s12711-016-0189-x>
44. Yan Z., Wang P., Yang Q., Guo S. Single-Cell RNA Sequencing Reveals an Atlas of Hezuo Pig Testis Cells. *International Journal of Molecular Sciences*. 2024; 25(18): 9786.
<https://doi.org/10.3390/ijms25189786>
45. Sironen A., Uimari P., Venhoranta H., Andersson M., Vilki J. An exonic insertion within *Tex14* gene causes spermatogenic arrest in pigs. *BMC Genomics*. 2011; 12: 591.
<https://doi.org/10.1186/1471-2164-12-591>
46. Crespo-Piazuelo D. et al. Identification of transcriptional regulatory variants in pig duodenum, liver, and muscle tissues. *GigaScience*. 2022; 12: giad042.
<https://doi.org/10.1093/gigascience/giad042>
47. Ramos-Ibeas P. et al. Pluripotency and X chromosome dynamics revealed in pig pre-gastrulating embryos by single cell analysis. *Nature Communications*. 2019; 10: 500.
<https://doi.org/10.1038/s41467-019-08387-8>
48. Lee Y.-S., Shin D., Won K.-H., Kim D.C., Lee S.C., Song K.-D. Genome-wide scans for detecting the selection signature of the Jeju-island native pig in Korea. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 2020; 33(4): 539–546.
<https://doi.org/10.5713/ajas.19.0026>
49. Palombo V. et al. Single-Step Genome Wide Association Study Identifies QTL Signals for Untrimmed and Trimmed Thigh Weight in Italian Crossbred Pigs for Dry-Cured Ham Production. *Animals*. 2021; 11(6): 1612.
<https://doi.org/10.3390/ani11061612>
50. He Y. et al. The Association of an SNP in the *EXOC4* Gene and Reproductive Traits Suggests Its Use as a Breeding Marker in Pigs. *Animals*. 2021; 11(2): 521.
<https://doi.org/10.3390/ani11020521>
51. Hernandez S.C., Finlayson H.A., Ashworth C.J., Haley C.S., Archibald A.L. A genome-wide linkage analysis for reproductive traits in F₁ Large White × Meishan cross gilts. *Animal Genetics*. 2014; 45(2): 191–197.
<https://doi.org/10.1111/age.12123>
32. Bertolini F. et al. Signatures of selection analyses reveal genomic differences among three heavy pig breeds that constitute the genetic backbone of a dry-cured ham production system. *Animal*. 2024; 18(11): 101335.
<https://doi.org/10.1016/j.animal.2024.101335>
33. Kolosov A. et al. Investigation of the Genetic Architecture of Pigs Subjected to Breeding Intensification. *Genes*. 2022; 13(2): 197.
<https://doi.org/10.3390/genes13020197>
34. Ponsuksili S., Trakooljul N., Basavaraj S., Hadlich F., Murani E., Wimmers K. Epigenome-wide skeletal muscle DNA methylation profiles at the background of distinct metabolic types and ryanodine receptor variation in pigs. *BMC Genomics*. 2019; 20: 492.
<https://doi.org/10.1186/s12864-019-5880-1>
35. Loan H.T.P., Murani E., Maak S., Ponsuksili S., Wimmers K. Novel SNPs of the porcine *TRIP12* are associated with water holding capacity of meat. *Czech Journal of Animal Science*. 2013; 58(11): 525–533.
<https://doi.org/10.17221/7048-cjas>
36. Liu H. et al. A Single-Step Genome Wide Association Study on Body Size Traits Using Imputation-Based Whole-Genome Sequence Data in Yorkshire Pigs. *Frontiers in Genetics*. 2021; 12: 629049.
<https://doi.org/10.3389/fgene.2021.629049>
37. Cao Z. et al. Arginine Methyltransferase CARM1-Mediated H3R26me2 Is Essential for Morula-to-Blastocyst Transition in Pigs. *Frontiers in Cell and Developmental Biology*. 2021; 9: 678282.
<https://doi.org/10.3389/fcell.2021.678282>
38. Yang L. et al. Mapping and functional characterization of structural variation in 1060 pig genomes. *Genome Biology*. 2024; 25: 116.
<https://doi.org/10.1186/s13059-024-03253-3>
39. Zhang B. et al. Mining of candidate genes related to body size in Chinese native pig breeds based on public data. *Scientific Reports*. 2025; 15: 9793.
<https://doi.org/10.1038/s41598-025-88583-3>
40. Zhao Y.X. et al. Genome-wide association studies uncover genes associated with litter traits in the pig. *Animal*. 2022; 16(12): 100672.
<https://doi.org/10.1016/j.animal.2022.100672>
41. Yang R. et al. Genetic introgression from commercial European pigs to the indigenous Chinese Lijiang breed and associated changes in phenotypes. *Genetics Selection Evolution*. 2024; 56: 24.
<https://doi.org/10.1186/s12711-024-00893-8>
42. Zhu J. et al. A systems genetics study of swine illustrates mechanisms underlying human phenotypic traits. *BMC Genomics*. 2015; 16: 88.
<https://doi.org/10.1186/s12864-015-1240-y>
43. Verardo L.L. et al. Revealing new candidate genes for reproductive traits in pigs: combining Bayesian GWAS and functional pathways. *Genetics Selection Evolution*. 2016; 48: 9.
<https://doi.org/10.1186/s12711-016-0189-x>
44. Yan Z., Wang P., Yang Q., Guo S. Single-Cell RNA Sequencing Reveals an Atlas of Hezuo Pig Testis Cells. *International Journal of Molecular Sciences*. 2024; 25(18): 9786.
<https://doi.org/10.3390/ijms25189786>
45. Sironen A., Uimari P., Venhoranta H., Andersson M., Vilki J. An exonic insertion within *Tex14* gene causes spermatogenic arrest in pigs. *BMC Genomics*. 2011; 12: 591.
<https://doi.org/10.1186/1471-2164-12-591>
46. Crespo-Piazuelo D. et al. Identification of transcriptional regulatory variants in pig duodenum, liver, and muscle tissues. *GigaScience*. 2022; 12: giad042.
<https://doi.org/10.1093/gigascience/giad042>
47. Ramos-Ibeas P. et al. Pluripotency and X chromosome dynamics revealed in pig pre-gastrulating embryos by single cell analysis. *Nature Communications*. 2019; 10: 500.
<https://doi.org/10.1038/s41467-019-08387-8>
48. Lee Y.-S., Shin D., Won K.-H., Kim D.C., Lee S.C., Song K.-D. Genome-wide scans for detecting the selection signature of the Jeju-island native pig in Korea. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 2020; 33(4): 539–546.
<https://doi.org/10.5713/ajas.19.0026>
49. Palombo V. et al. Single-Step Genome Wide Association Study Identifies QTL Signals for Untrimmed and Trimmed Thigh Weight in Italian Crossbred Pigs for Dry-Cured Ham Production. *Animals*. 2021; 11(6): 1612.
<https://doi.org/10.3390/ani11061612>
50. He Y. et al. The Association of an SNP in the *EXOC4* Gene and Reproductive Traits Suggests Its Use as a Breeding Marker in Pigs. *Animals*. 2021; 11(2): 521.
<https://doi.org/10.3390/ani11020521>
51. Hernandez S.C., Finlayson H.A., Ashworth C.J., Haley C.S., Archibald A.L. A genome-wide linkage analysis for reproductive traits in F₁ Large White × Meishan cross gilts. *Animal Genetics*. 2014; 45(2): 191–197.
<https://doi.org/10.1111/age.12123>

52. Tribout T. et al. Detection of quantitative trait loci for reproduction and production traits in Large White and French Landrace pig populations. *Genetics Selection Evolution*. 2008; 40: 61. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-40-1-61>
53. Duijvesteijn N., Veltmaat J.M., Knol E.F., Harlizius B. High-resolution association mapping of number of teats in pigs reveals regions controlling vertebral development. *BMC Genomics*. 2014; 15: 542. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-542>
54. Dervishi E. et al. GWAS and genetic and phenotypic correlations of plasma metabolites with complete blood count traits in healthy young pigs reveal implications for pig immune response. *Frontiers in Molecular Biosciences*. 2023; 10: 1140375. <https://doi.org/10.3389/fmolb.2023.1140375>
55. Wei C. et al. Integration of non-additive genome-wide association study with a multi-tissue transcriptome analysis of growth and carcass traits in Duroc pigs. *Animal*. 2023; 17(6): 100817. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2023.100817>
56. Muñoz M. et al. Identification of Candidate Genes and Regulatory Factors Underlying Intramuscular Fat Content Through Longissimus Dorsi Transcriptome Analyses in Heavy Iberian Pigs. *Frontiers in Genetics*. 2018; 9: 608. <https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00608>
57. Raschetti M., Rignanese D., Pagnacco G., Castiglioni B., Chessa S. Polymorphisms in swine candidate genes for meat quality detected by PCR-SSCP. *Italian Journal of Animal Science*. 2009; 8(S2): 129–131. <https://doi.org/10.4081/ijas.2009.s2.129>
58. Raschetti M., Castiglioni B., Caroli A., Guiatti D., Pagnacco G., Chessa S. SNP identification in swine candidate genes for meat quality. *Livestock Science*. 2013; 155(2–3): 165–171. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2013.05.008>
59. Wang X. et al. GWAS of Reproductive Traits in Large White Pigs on Chip and Imputed Whole-Genome Sequencing Data. *International Journal of Molecular Sciences*. 2022; 23(21): 13338. <https://doi.org/10.3390/ijms232113338>
60. Park J. Genome-wide association study to reveal new candidate genes using single-step approaches for productive traits of Yorkshire pig in Korea. *Animal Bioscience*. 2024; 37(3): 451–460. <https://doi.org/10.5713/ab.23.0255>
61. Bakoev S. et al. Survey of SNPs Associated with Total Number Born and Total Number Born Alive in Pig. *Genes*. 2020; 11(5): 491. <https://doi.org/10.3390/genes11050491>
62. Wang Y. et al. Genome-wide association study for reproductive traits in a Large White pig population. *Animal Genetics*. 2018; 49(2): 127–131. <https://doi.org/10.1111/age.12638>
63. Ding R. et al. Genome-wide association studies reveals polygenic genetic architecture of litter traits in Duroc pigs. *Theriogenology*. 2021; 173: 269–278. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2021.08.012>
64. Gao G. et al. Genome-Wide Association Study of Meat Quality Traits in a Three-Way Crossbred Commercial Pig Population. *Frontiers in Genetics*. 2021; 12: 614087. <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.614087>
65. Tinh N.H. et al. Novel genotyping assay for a 212-kb deletion from the *BBS9* gene, and frequency of the allele in pig populations in Vietnam. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*. 2024; 36(6): 847–851. <https://doi.org/10.1177/10406387241282082>
66. Bovo S. et al. Exploiting single-marker and haplotype-based genome-wide association studies to identify QTL for the number of teats in Italian Duroc pigs. *Livestock Science*. 2022; 257: 104849. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2022.104849>
67. Johnson C., Drgon T., McMahon F.J., Uhl G.R. Convergent genome wide association results for bipolar disorder and substance dependence. *American Journal of Medical Genetics Part B: Neuropsychiatric Genetics*. 2009; 150B(2): 182–190. <https://doi.org/10.1002/ajmg.b.30900>
68. Qi F. et al. Genome-wide characterization of structure variations in the Xiang pig for genetic resistance to African swine fever. *Virulence*. 2024; 15(1): 2382762. <https://doi.org/10.1080/21505594.2024.2382762>
69. Gao H. et al. Integrative analysis of genome-wide association study and transcriptomics to identify potential candidate genes influencing drip loss in Beijing Black pigs. *Animal Research and One Health*. 2024; 2(4): 446–457. <https://doi.org/10.1002/aro2.32>
70. Li F. et al. Transcription Factor SATB2 Regulates Skeletal Muscle Cell Proliferation and Migration via HDAC4 in Pigs. *Genes*. 2024; 15(1): 65. <https://doi.org/10.3390/genes15010065>
52. Tribout T. et al. Detection of quantitative trait loci for reproduction and production traits in Large White and French Landrace pig populations. *Genetics Selection Evolution*. 2008; 40: 61. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-40-1-61>
53. Duijvesteijn N., Veltmaat J.M., Knol E.F., Harlizius B. High-resolution association mapping of number of teats in pigs reveals regions controlling vertebral development. *BMC Genomics*. 2014; 15: 542. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-542>
54. Dervishi E. et al. GWAS and genetic and phenotypic correlations of plasma metabolites with complete blood count traits in healthy young pigs reveal implications for pig immune response. *Frontiers in Molecular Biosciences*. 2023; 10: 1140375. <https://doi.org/10.3389/fmolb.2023.1140375>
55. Wei C. et al. Integration of non-additive genome-wide association study with a multi-tissue transcriptome analysis of growth and carcass traits in Duroc pigs. *Animal*. 2023; 17(6): 100817. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2023.100817>
56. Muñoz M. et al. Identification of Candidate Genes and Regulatory Factors Underlying Intramuscular Fat Content Through Longissimus Dorsi Transcriptome Analyses in Heavy Iberian Pigs. *Frontiers in Genetics*. 2018; 9: 608. <https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00608>
57. Raschetti M., Rignanese D., Pagnacco G., Castiglioni B., Chessa S. Polymorphisms in swine candidate genes for meat quality detected by PCR-SSCP. *Italian Journal of Animal Science*. 2009; 8(S2): 129–131. <https://doi.org/10.4081/ijas.2009.s2.129>
58. Raschetti M., Castiglioni B., Caroli A., Guiatti D., Pagnacco G., Chessa S. SNP identification in swine candidate genes for meat quality. *Livestock Science*. 2013; 155(2–3): 165–171. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2013.05.008>
59. Wang X. et al. GWAS of Reproductive Traits in Large White Pigs on Chip and Imputed Whole-Genome Sequencing Data. *International Journal of Molecular Sciences*. 2022; 23(21): 13338. <https://doi.org/10.3390/ijms232113338>
60. Park J. Genome-wide association study to reveal new candidate genes using single-step approaches for productive traits of Yorkshire pig in Korea. *Animal Bioscience*. 2024; 37(3): 451–460. <https://doi.org/10.5713/ab.23.0255>
61. Bakoev S. et al. Survey of SNPs Associated with Total Number Born and Total Number Born Alive in Pig. *Genes*. 2020; 11(5): 491. <https://doi.org/10.3390/genes11050491>
62. Wang Y. et al. Genome-wide association study for reproductive traits in a Large White pig population. *Animal Genetics*. 2018; 49(2): 127–131. <https://doi.org/10.1111/age.12638>
63. Ding R. et al. Genome-wide association studies reveals polygenic genetic architecture of litter traits in Duroc pigs. *Theriogenology*. 2021; 173: 269–278. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2021.08.012>
64. Gao G. et al. Genome-Wide Association Study of Meat Quality Traits in a Three-Way Crossbred Commercial Pig Population. *Frontiers in Genetics*. 2021; 12: 614087. <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.614087>
65. Tinh N.H. et al. Novel genotyping assay for a 212-kb deletion from the *BBS9* gene, and frequency of the allele in pig populations in Vietnam. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*. 2024; 36(6): 847–851. <https://doi.org/10.1177/10406387241282082>
66. Bovo S. et al. Exploiting single-marker and haplotype-based genome-wide association studies to identify QTL for the number of teats in Italian Duroc pigs. *Livestock Science*. 2022; 257: 104849. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2022.104849>
67. Johnson C., Drgon T., McMahon F.J., Uhl G.R. Convergent genome wide association results for bipolar disorder and substance dependence. *American Journal of Medical Genetics Part B: Neuropsychiatric Genetics*. 2009; 150B(2): 182–190. <https://doi.org/10.1002/ajmg.b.30900>
68. Qi F. et al. Genome-wide characterization of structure variations in the Xiang pig for genetic resistance to African swine fever. *Virulence*. 2024; 15(1): 2382762. <https://doi.org/10.1080/21505594.2024.2382762>
69. Gao H. et al. Integrative analysis of genome-wide association study and transcriptomics to identify potential candidate genes influencing drip loss in Beijing Black pigs. *Animal Research and One Health*. 2024; 2(4): 446–457. <https://doi.org/10.1002/aro2.32>
70. Li F. et al. Transcription Factor SATB2 Regulates Skeletal Muscle Cell Proliferation and Migration via HDAC4 in Pigs. *Genes*. 2024; 15(1): 65. <https://doi.org/10.3390/genes15010065>

ОБ АВТОРАХ**Анна Александровна Белоус¹**кандидат биологических наук, доцент, директор
belousa663@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0001-7533-4281>**Вероника Руслановна Харзинова²**кандидат биологических наук, ведущий научный
сотрудник, заведующая лабораторией ДНК-технологий
в животноводстве
veronika0784@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-8067-0404>**Надежда Александровна Чурбакова²**аспирант, младший научный сотрудник
nadushik95@mail.ru
<https://orcid.org/0009-0006-1061-2715>**Наталья Анатольевна Зиновьева²**доктор биологических наук, профессор, академик
Российской академии наук, директор
n_zinovieva@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4017-6863>¹Всероссийский научно-исследовательский институт
интегрированного рыбоводства — филиал Федерального
исследовательского центра животноводства ВИЖ
им. академика Л.К. Эрнста,
пос. им. Воровского, ул. им. Сергеева, 24, Ногинский р-н,
Московская обл., 142460, Россия²Федеральный исследовательский центр
животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста,
пос. Дубровицы, 60, г. о. Подольск, Московская обл.,
142132, Россия**ABOUT THE AUTHORS****Anna Alexandrovna Belous¹**Candidate of Biological Sciences, Docent, Director
belousa663@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0001-7533-4281>**Veronika Ruslanovna Kharzinova²**Candidate of Biological Sciences, Leading Researcher,
Head of the Laboratory of DNA Technologies in Animal
Husbandry
veronika0784@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-8067-0404>**Nadezhda Aleksandrovna Churbakova²**Graduate Student, Junior Research
nadushik95@mail.ru
<https://orcid.org/0009-0006-1061-2715>**Natalia Anatolyevna Zinovieva²**Doctor of Biological Sciences, Professor, Academician
of the Russian Academy of Sciences, Director
n_zinovieva@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4017-6863>¹All-Russian Research Institute of Integrated Fish Farming —
branch of L.K. Ernst Federal Research Center for Animal
Husbandry,24 Sergeev Str., Vorovsky village, Noginsky district,
Moscow region, 142460, Russia²L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry,60 Dubrovitsy, Podolsk Municipal District,
Moscow Region, 142132, Russia

3–4 декабря 2025 г. в Москве
пройдет XVII Международная научно-практическая конференция
«Свиноводство-2025. Новый инвестиционный этап
в 2026–2030 гг. — качественный импульс в развитии отрасли»

**Организаторы конференции:** Национальный союз свиноводов, Международная промышленная академия.**Конференция проводится при поддержке:** Министерства сельского хозяйства РФ, Федеральной службы
по ветеринарному и фитосанитарному надзору РФ.**Основные темы обсуждения:**

- Свиноводство России: качественные изменения и ориентиры до 2030 года
- Новый инвестиционный этап как стимул дальнейшего развития и совершенствования отрасли
- Отечественная ветеринария на пути к импортозамещению
- Эффективные кормовые решения в свиноводстве
- Биобезопасность на свиноводческих предприятиях
- Генетическое совершенствование отечественного свиноводства
- Интеллектуальные системы управления свиноводческими предприятиями.

К участию в конференции приглашаются: руководители и специалисты агрохолдингов, свиноводческих, мясоперерабатывающих и комбикормовых предприятий; органов управления АПК субъектов Российской Федерации, отраслевых союзов и ассоциаций АПК; отечественных и зарубежных компаний, фирм и предприятий — производителей оборудования, ингредиентов, ветеринарных препаратов; ученые и преподаватели научно-исследовательских институтов, высших и средних профессиональных учебных заведений, а также редакторы отраслевых СМИ.**Конференция будет проходить в гибридном формате,
который предусматривает онлайн- (личное) и онлайн-участие.****Справки****МПА:****Кафедра отраслей животноводства и комбикормового производства**

Завкафедрой профессор Шербакова Ольга Евгеньевна тел/факс (495) 959-71-06 scherbakovae@grainfood.ru	Доцент Агеева Ксения Михайловна тел/факс (499) 235-48-27 a89057777955@yandex.ru	Декан Карцева Ольга Павловна тел/факс (499) 235-95-79 dekanat@grainfood.ru
---	---	--

НСС:**Главный эксперт по развитию отрасли**

Аксаньян Григорий Степанович тел. (495) 690-53-17 next@nssrf.ru
--