

В.Р. Харзинова ✉

А.М. Цыб

А.С. Абдельманова

Н.Ф. Бакоев

Н.А. Чурбакова

Н.А. Зиновьева

Федеральный исследовательский
центр животноводства — ВИЖ
им. академика Л.К. Эрнста,
Дубровицы, Московская обл., Россия

✉ veronika0784@mail.ru

Поступила в редакцию: 30.05.2025

Одобрена после рецензирования: 11.11.2025

Принята к публикации: 26.11.2025

© Харзинова В.Р., Цыб А.М.,
Абдельманова А.С., Бакоев Н.Ф.,
Чурбакова Н.А., Зиновьева Н.А.

Veronika R. Kharzinova ✉

Anton M. Tsyb

Alexandra S. Abdelmanova

Nekruz F. Bakoev

Nadezhda A. Churbakova

Natalia A. Zinovieva

Federal Research Center for Animal
Husbandry named after Academy
Member L.K. Ernst, Dubrovitsy,
Moscow Region, Russia

✉ veronika0784@mail.ru

Received by the editorial office: 30.05.2025

Accepted in revised: 11.11.2025

Accepted for publication: 26.11.2025

© Kharzinova V.R., Tsyb A.M.,
Abdelmanova A.S., Bakoev N.F.,
Churbakova N.A., Zinovieva N.A.

Характеристика генетической структуры и разнообразия российской популяции свиней венгерской породы мангалица на основе полногеномного SNP-генотипирования

РЕЗЮМЕ

Современное промышленное свиноводство основано на высокопродуктивных породах, однако глобализация селекции снизила генетическое разнообразие, повысив уязвимость отрасли. В этом контексте аборигенные породы, такие как мангалица, представляют ценность благодаря уникальным адаптивным и продуктивным качествам. Ранее проведенные генетические исследования данной породы ограничивались микросателлитными и митохондриальными маркерами. Однако в условиях развития современных геномных технологий особую актуальность имеет применение SNP-анализа. В данной работе впервые применен SNP-анализ для оценки генетического разнообразия российской популяции мангалицы в сравнении с венгерской популяцией и коммерческими породами (дюрок, крупная белая, ландрас), а также дикими кабаном. Полученные результаты показали, что российская популяция мангалицы сохраняет высокую генетическую изменчивость ($H_o = 0,337 \pm 0,001$, $A_r = 1,952 \pm 0,001$), превышающую показатели исходной венгерской группы ($H_o = 0,218 \pm 0,001$). PCA-анализ подтвердил близость российской и венгерской популяций мангалицы, а также отсутствие гибридизации с коммерческими породами. Кластерный анализ выявил генетический компонент дикого кабана, что соответствует истории формирования породы. Российская популяция мангалицы генетически соответствует венгерской и может служить ценным ресурсом для селекции, особенно в условиях адаптации к низким температурам. Полученные данные важны для сохранения биоразнообразия и развития специализированного свиноводства.

Ключевые слова: кабаны, свиньи, локальные породы, генетическое разнообразие, мангалица, SNP-генотипирование

Для цитирования: Харзинова В.Р., Цыб А.М., Абдельманова А.С., Бакоев Н.Ф., Чурбакова Н.А., Зиновьева Н.А. Характеристика генетической структуры и разнообразия российской популяции свиней венгерской породы мангалица на основе полногеномного SNP-генотипирования. *Аграрная наука*. 2025; 401 (12): 99–105.
<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-401-12-99-105>

Characterization of genetic structure and diversity of the Russian population of Hungarian Mangalica pigs based on whole-genome SNP genotyping

ABSTRACT

Modern industrial pig farming is based on highly productive breeds, however the globalization of breeding has reduced genetic diversity, increasing the vulnerability of the industry. In this context, native breeds such as the Hungarian Mangalitsa are valuable due to their unique adaptive and productive qualities. Previous genetic studies of this breed were limited to microsatellite and mitochondrial markers. However, in the context of the development of modern genomic technologies, the use of SNP analysis is of particular relevance. This study is the first to use SNP analysis to assess the genetic diversity of the Russian Mangalitsa population in comparison with the Hungarian population and commercial breeds (Duroc, Large White, Landrace), as well as wild boar. The obtained results showed that the Russian population of Mangalitsa retains high genetic variability ($H_o = 0,337 \pm 0,001$, $A_r = 1,952 \pm 0,001$), exceeding the indicators of the original Hungarian group ($H_o = 0,218 \pm 0,001$). PCA analysis confirmed the closeness of Russian and Hungarian Mangalitsa, as well as the absence of hybridization with commercial breeds. Cluster analysis revealed a genetic component of wild boar, which corresponds to the history of the breed formation. The Russian population of Mangalitsa is genetically similar to the Hungarian one and can serve as a valuable resource for selection, especially in conditions of adaptation to low temperatures. The data obtained are important for the conservation of biodiversity and the development of specialized pig breeding.

Key words: wild boars, pigs, local breeds, genetic diversity, Mangalica, SNP genotyping

For citation: Kharzinova V.R., Tsyb A.M., Abdelmanova A.S., Bakoev N.F., Churbakova N.A., Zinovieva N.A. Characterization of genetic structure and diversity of the Russian population of Hungarian Mangalica pigs based on whole-genome SNP genotyping. *Agrarian science*. 2025; 401 (12): 99–105 (in Russian).
<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-401-12-99-105>

Введение/Introduction

Современное промышленное свиноводство в значительной степени ориентировано на использование высокопродуктивных пород, таких как крупная белая, ландрас, дюрок и йоркшир, которые характеризуются интенсивным ростом, высокой конверсией корма и оптимальными мясными качествами [1]. Однако глобализация селекционного процесса привела к существенному сокращению генетического разнообразия, что повышает уязвимость отрасли к биологическим и экологическим рискам. В этом контексте аборигенные породы, в частности мангалица, представляют особый интерес как носители уникальных адаптивных и продуктивных характеристик.

Мангалица (венг. *Magyar mangalica*) — это уникальная курдючная порода свиней с густой шерстью, напоминающей овечью. Ее история выведения тесно связана с Венгрией и климатическими условиями Центральной Европы. Мангалица происходит от скрещивания местных венгерских свиней с сербской породой *Šumadija*, привезенной в Венгрию в начале XIX века. В формировании породы участвовали и дикие кабаны, что объясняет ее выносливость и густую шерсть [2].

Порода отличалась выраженной сальной продуктивностью, что делало ее важным источником животного жира. Высококачественное сало находило применение как в пищевой промышленности, так и в технических целях. Благодаря выраженной сезонной адаптации, включающей развитие густого шерстного покрова и подкожной жировой клетчатки, особи демонстрировали высокую резистентность к низким температурам. Это позволяло осуществлять круглогодичное пастбищное содержание даже в условиях континентального климата. К концу XIX века мангалица стала одной из самых распространенных пород в Венгрии и Австро-Венгрии [3, 4].

В Россию завезена в 1980-х годах и приобрела популярность среди частных хозяйств за счет своих биологических качеств (выраженной способности к аккумуляции подкожного жира (толщина шпика до 10–12 см), повышенной устойчивости к стрессовым факторам и заболеваниям), а также исключительных органолептических свойств продукции. Однако именно эти характеристики обусловили ограниченное использование породы в промышленном свиноводстве.

Основным сдерживающим фактором служит экономическая нецелесообразность производства, обусловленная значительно более длительным периодом откорма по сравнению с коммерческими породами (10–12 месяцев против 6–7) и, соответственно, более высокой себестоимостью конечной продукции. Кроме того, преобладание жирного типа продуктивности у мангалицы не соответствует современным рыночным стандартам, ориентированным на производство постной

свинины. Существенным ограничением является и недостаточное внимание к системной селекционной работе, направленной на улучшение мясных качеств при сохранении уникальных породных характеристик¹.

В последние годы наблюдается возрождение интереса к мангалице как к ценному генетическому ресурсу. Эта порода рассматривается как потенциальный источник полезных аллелей для улучшения адаптивных качеств коммерческих пород, включая стрессоустойчивость и иммунный статус. Особые перспективы связаны с производством специализированной и органической продукции премиального сегмента, а также с программами сохранения биоразнообразия в животноводстве [5].

На сегодняшний день проведено множество генетических исследований с использованием микросателлитных маркеров ядерной ДНК, а также секвенирования митохондриального генома, позволивших установить основные закономерности генетического разнообразия данной породы. Однако в условиях развития современных геномных технологий особую актуальность приобретает применение SNP-анализа (Single Nucleotide Polymorphism), который позволяет получить более детализированную информацию о генетической структуре [2, 5].

Микрочиповые технологии SNP-генотипирования, обладают высокой пропускной способностью и точностью детекции аллельных вариантов. Применение этой технологии генотипирования позволяет не только идентифицировать породоспецифичные генетические маркеры, но и проводить комплексный анализ аллелофонда по локусам, ассоциированным с ключевыми адаптивными и продуктивными признаками. Это открывает новые возможности для разработки научно обоснованных стратегий рационального использования генетических ресурсов венгерской мангалицы [6, 7].

На территории Российской Федерации мангалица разводится на протяжении 40 лет, преимущественно в личных подсобных хозяйствах, где отсутствует системный селекционно-племенной учет поголовья, а процесс разведения может носить неконтролируемый характер. В связи с этим актуальны исследование генетической структуры данной породы в России и оценка степени ее отклонения от исходного генофонда².

Цели настоящего исследования — оценка генетического разнообразия и анализ генетической структуры популяции свиней породы мангалица, разводимой на территории Российской Федерации, с использованием полногеномного анализа.

В рамках работы были поставлены следующие задачи: анализ сохранения в исследуемой популяции предковых генетических компонентов, характерных для венгерской мангалицы; определение степени генетической дифференциации между российской и венгерской популяциями.

¹ Венгерская мангалица: плюсы и минусы породы. URL: <https://vusadebke.com/fermerstvo/ghivotnovodstvo/svinyi/vengerskaya-mangalica.html/>

² Венгерская мангалица. URL: <https://selo-exp.com/svinii/vengerskaya-mangalica.html/>

Материалы и методы исследования / Materials and methods

Материалом для исследований послужили биологические образцы (ушной выщип) свиней породы мангалица и данные SNP-генотипирования коммерческих пород (ландраса, крупной белой, дюрка), а также дикого кабана российской популяции, депонированных в «Банк генетического материала домашних и диких видов животных и птицы» (зарегистрирован Минобрнауки РФ № 498808), созданной и поддерживаемой в ФГБНУ ФИЦ животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста (Россия).

Исследуемая выборка включала животных из генетического банка ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста: мангалица ($n = 48$), SNP-генотипы промышленных свиней пород дюрка ($n = 50$), крупная белая ($n = 53$), ландрас ($n = 50$), в том числе генотипы диких кабанов России ($n = 58$). В качестве групп сравнения для статистического анализа в исследовании использованы данные SNP-генотипирования мангалицы ($n = 20$), диких кабанов Балканского полуострова ($n = 92$), диких кабанов северной и центральной части Европы ($n = 27$), загруженные из открытых источников [8–10].

Геномную ДНК выделяли с помощью коммерческого набора «ДНК-Экстрем-2» (ООО «Синтол», Россия) в соответствии с протоколом производителя. Для измерения концентрации двухцепочечной ДНК использовали флуориметр Qubit 3.0 (Thermo Fisher Scientific, Wilmington, DE, USA). Чистоту ДНК определяли на спектрофотометре NanoDrop2000 (Thermo Fisher Scientific, Wilmington, DE, USA), оценивая коэффициент поглощения A260/A280. Концентрация ДНК в среднем составила 103,42 нг/мкл. Всего 48 образцов ДНК венгерской мангалицы были генотипированы с использованием ДНК-чипа Illumina BeadChip Array 24 x 1 Infinium HD iSelect INF Porcine 80K. Качество SNP-генотипирования образцов мангалицы оценивали с применением программного обеспечения PLINK v1.90 [11], где в качестве критериев

приемлемости использовали минимальные значения показателей GenCall и GenTrain, установленные на уровне 0, 5.

На основании данных SNP-генотипирования были рассчитаны основные внутрипопуляционные генетические параметры выборок свиней, включая наблюдаемую (H_o), несмещенную ожидаемую гетерозиготность (H_e), несмещенный коэффициент инбридинга (F_{is}) на основе несмещенной ожидаемой гетерозиготности, а также показатель аллельного разнообразия, скорректированный на размер выборки (A_r).

Характеристика генетического разнообразия венгерской мангалицы включала комплексный анализ с применением двух взаимодополняющих методов. Метод главных компонент (PCA) использовали для визуализации генетической дифференциации, тогда как алгоритм ADMIXTURE применяли для детального изучения генетической структуры через определение пропорций предковых компонентов. Ряд значений K находился в диапазоне от 1 до 8 (по числу исследуемых групп).

Статистическую обработку и визуализацию данных проводили в программной среде R 3.5.0³ с использованием дополнительных R-пакетов (diveRcity, pophelper, ggplot2) и статистически программного продукта ADMIXTURE v1.3.0 [12–15].

При выполнении исследований использовали оборудование ЦКП «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста.

Результаты и обсуждение / Results and discussion

Анализ параметров генетического разнообразия популяции венгерской мангалицы, разводимой в России, в сравнительном аспекте с другими группами свиней и дикого кабана представлен в таблице 1.

Популяция MANG демонстрирует относительно высокие показатели генетического разнообразия: наблюдаемая гетерозиготность (H_o)

Таблица 1. Показатели генетического разнообразия российской популяции свиней породы мангалица на основе полногеномного SNP генотипирования

Table 1. Genetic diversity indicators of the Russian population of mangalica pigs based on genome-wide SNP genotyping

Порода (популяция)	n	H_o	A_r	H_e	F_{is}
DU	50	0,315 ± 0,001	1,866 ± 0,002	0,310 ± 0,001	-0,016 [-0,018; -0,014]
LN	50	0,362 ± 0,001	1,944 ± 0,002	0,351 ± 0,001	-0,027 [-0,029; -0,025]
LW	53	0,340 ± 0,001	1,908 ± 0,002	0,328 ± 0,001	-0,030 [-0,032; -0,028]
MANG	48	0,337 ± 0,001	1,952 ± 0,001	0,346 ± 0,001	0,024 [0,021; 0,027]
HUMA	20	0,218 ± 0,001	1,799 ± 0,003	0,272 ± 0,001	0,174 [0,169; 0,179]
WB_Balkans	92	0,320 ± 0,001	1,982 ± 0,001	0,365 ± 0,001	0,118 [0,116; 0,12]
WB_Nothern_and_Central_Europe	27	0,323 ± 0,001	1,970 ± 0,001	0,360 ± 0,001	0,096 [0,092; 0,1]
WB_RUS	58	0,364 ± 0,001	1,992 ± 0,000	0,382 ± 0,001	0,048 [0,046; 0,05]

Примечание: DU — дюрка, LN — ландрас, LW — крупная белая, MANG — мангалица (российская популяция), HUMA — мангалица, WB_Balkans — дикие кабаны Балканского полуострова, WB_Nothern_and_Central_Europe — дикие кабаны Северной и Центральной Европы, WB_RUS — дикие кабаны России, n — количество образцов, H_o — наблюдаемая гетерозиготность, A_r — аллельное разнообразие, H_e — несмещенная ожидаемая гетерозиготность, F_{is} — несмещенный коэффициент инбридинга (доверительный интервал 95%).

³ Core Team. A language and environment for statistical computing. Foundation for statistical computing. Vienna, Austria. 2012. URL: <http://www.Rproject.org/>

достоверно ($p < 0,05$) выше по сравнению с некоторыми популяциями домашних свиней (HUMA и DU, $H_o = 0,218 \pm 0,001$ и $H_o = 0,315 \pm 0,001$ соответственно) и диких кабанов (WB_Balkans и WB_Nothen_and_Central_Europe, $H_o = 0,320 \pm 0,001$ и $H_o = 0,323 \pm 0,001$ соответственно), что свидетельствует о сохранении генетического потенциала. Аллельное разнообразие ($A_R = 1,952 \pm 0,001$) значимо ($p < 0,05$) превышает показатели других пород, однако уступает аналогичному показателю у диких популяций.

Значения показателей наблюдаемой гетерозиготности, несмещенной ожидаемой гетерозиготности и аллельного разнообразия у MANG достоверно ($p < 0,05$) выше, чем у исходной венгерской популяции (HUMA: $H_o = 0,218 \pm 0,001$; $H_e = 0,265 \pm 0,001$; $A_R = 1,799 \pm 0,003$), что может указывать на эффект гибридизации или меньший уровень инбридинга в российской популяции.

Положительный коэффициент инбридинга ($uFis = 0,024 [0,021; 0,027]$) у MANG указывает на некоторый дефицит гетерозигот, характерный для изолированных популяций. У венгерской популяции HUMA выявлен максимальный уровень дефицита гетерозигот среди всех исследуемых групп ($uFis = 0,174 [0,169; 0,179]$). Стоит отметить, что у всех популяций кабана наблюдался дефицит гетерозигот, в то время как в промышленных породах выявлен избыток гетерозиготности, что может быть результатом линейного разведения с последующей гибридизацией.

На рисунке 1 представлены результаты анализа главных компонент (PCA) российской популяции венгерской мангалицы в сравнении с другими породами свиней и популяциями дикого кабана.

Как видно на рисунке 1, первая компонента, отвечающая за 36,24% генетической изменчивости, отделила промышленные породы свиней от популяций мангалицы с представителями диких кабанов.

Две популяции мангалицы образовали перекрывающийся кластер, хорошо дифференцированный от остальных групп. Образцы трех промышленных пород (LW, LN и DU) сформировали консолидированные породоспецифичные кластеры, что объясняется высоким уровнем селекционного давления в каждой из пород.

Образцы кабанов из Северной и Центральной Европы и Балкан образовали единый кластер, частично перекрывающийся с образцами российской популяции кабанов. Это объясняется единым генетическим фоном для кабанов европейской части континента, с одной стороны, и начинающейся генетической дифференциацией российской популяции от европейских за счет уменьшения миграций — с другой.

Результаты анализа генетической структуры для исследованных групп свиней и дикого кабана, реализованной в программе ADMIXTURE, представлены на рисунке 2.

Как показано на рисунке 2, при $K = 2$ домашние свиньи четко дифференцировались от кабанов, при этом обе популяции мангалицы показали

Рис. 1. Анализ главных компонент (PCA) российской популяции свиней породы мангалица на основе полногеномного SNP ренотипирования, выполненный (А) для первой (PC1) и второй (PC2) главных компонент и (Б) для первой и третьей (PC3) главных компонент

Примечание: WB_Nothen_and_Central_Europe — дикие кабаны Северной и Центральной Европы, WB_Balkans — дикие кабаны Балканского полуострова, WB_RUS — дикие кабаны России, HUMA — мангалица, MANG — мангалица (российская популяция), DU — дюрок, LN — ландрас, LW — крупная белая.

Fig. 1. Analysis of the main components (PCA) of the Russian population of Mangalitsa pigs based on genome-wide SNP genotyping, performed (A) for the first (PC1) and second (PC2) main components and (B) for the first and third (PC3) main components

Note: WB_Nothen_and_Central_Europe — wild boars of Northern and Central Europe, WB_Balkans — wild boars of the Balkan Peninsula, WB_RUS — wild boars of Russia, HUMA — mangalica, MANG — mangalica (Russian population), DU — duroc, LN — landrace, LW — large white.

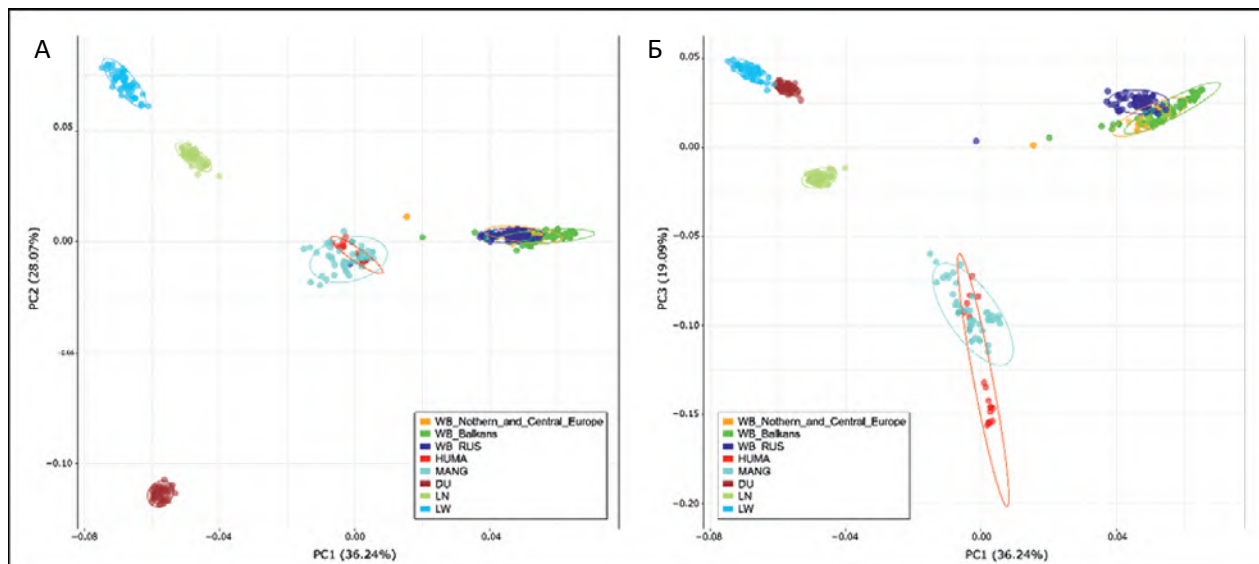
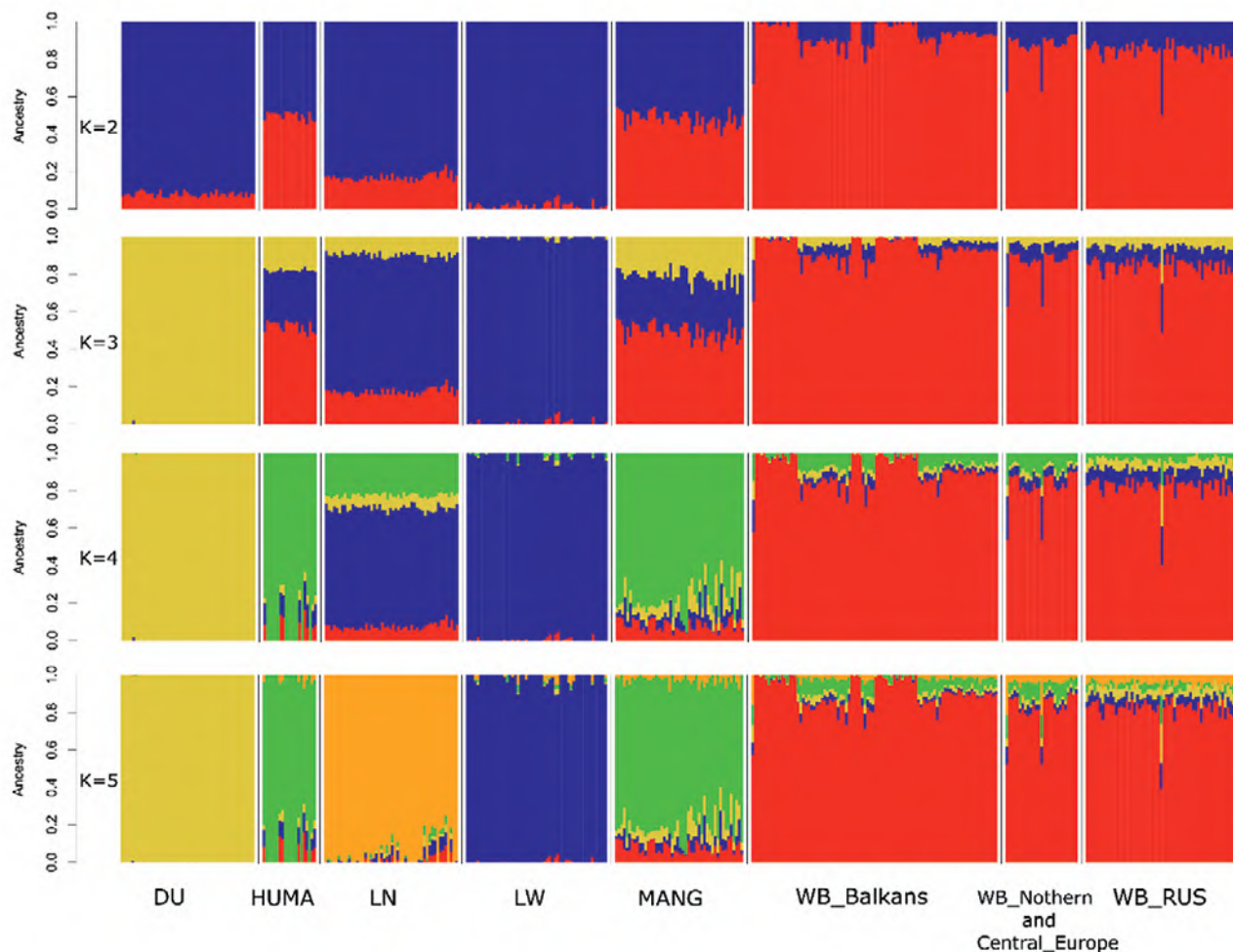


Рис. 2. Результаты кластерного анализа российской популяции свиней породы мангалица на основании полногеномного SNP генотипирования

Примечание: DU — дюркок, HUMA — мангалица, LN — ландрас, LW — крупная белая, MANG — мангалица (российская популяция), WB_Balkans — дикие кабаны Балканского полуострова, WB_Nothern_and_Central_Europe — дикие кабаны Северной и Центральной Европы, WB_RUS — дикие кабаны России.

Fig. 2. Results of cluster analysis of the Russian population of Mangalitsa pigs based on genome-wide SNP genotyping

Note: DU — duroc, HUMA — mangalica, LN — landrace, LW — large white, MANG — mangalica (Russian population), WB_Balkans — wild boars of the Balkan Peninsula, WB_Nothern_and_Central_Europe — wild boars of Northern and Central Europe, WB_RUS — wild boars of Russia.



некоторую примесь генетических компонентов дикого кабана.

При увеличении количества кластеров наблюдалось постепенное отделение породоспецифичных кластеров свиней: дюркок при $K = 3$, обе популяции мангалицы при $K = 4$, ландрас при $K = 5$. Интересно, что при увеличении количества кластеров (с 2 до 5) обе популяции мангалицы демонстрировали общие генетические компоненты, причем в российской популяции все образцы показали примеси генетических компонентов кабана, что не противоречит истории создания и развития породы.

Проведенные ранее исследования генетического разнообразия и структуры популяций свиней породы мангалица показали относительно высокий уровень инбридинга и консолидированность популяций, что может быть следствием малочисленности поголовья в породе [6].

В своем исследовании А.Т. Нгуен и соавт. подчеркивают, что малые субпопуляции мангалицы особенно подвержены генетическому дрейфу,

который может привести к значительным изменениям в генофонде популяции. Однако активный обмен животными между стадами способствует снижению генетической дифференциации и поддержанию породы. [2].

Потеря генетического разнообразия снижает адаптивный потенциал, делая животных менее приспособленными к изменениям окружающей среды и подверженными заболеваниям или стрессовым факторам.

Стоит отметить отдаленное сходство породы ландрас с обеими популяциями мангалицы при $K = 3$. Подобное распределение можно обосновать историей появления породы, где свиньи породы ландрас использовались в восстановлении мангалицы [16]. Однако мангалица по сей день остается генетически обособленной породой с уникальным генофондом.

Выводы/Conclusions

Генетический анализ популяционной структуры свидетельствует, что российская популяция

мангалицы, несмотря на более чем 40-летний период разведения в условиях подсобных хозяйств без системного селекционного контроля, сохранила выраженную генетическую идентичность с исходными породными генетическими компонентами.

Результаты кластерного анализа демонстрируют отсутствие интрогрессии генов коммерческих

промышленных пород, что подтверждает сохранение генофонда в исследуемой популяции.

Полученные данные имеют важное прикладное значение для разработки стратегий сохранения генетических ресурсов мангалицы и оптимизации программ селекции с учетом выявленных генетических особенностей, а также совершенствования методов генетического мониторинга породы.

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 плагиат. Авторы объявили об отсутствии конфликта интересов.

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.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Работа выполнена при поддержке РФФ, проект № 23-46-00014.

FUNDING

The research was supported by the Russian Science Foundation, Project No. 23-46-00014.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Павлова С.В., Козлова Н.А., Мышкина М.С., Щавликова Т.Н. Генетический потенциал племенного свиноводства в настоящее время. *Эффективное животноводство*. 2021; (9): 81–83. <https://elibrary.ru/fwwdvc>
2. Nguyen A.T., Kövér 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>
3. Полковникова В.И. Биологические, этологические особенности свиней породы венгерская мангалица. *Пермский аграрный вестник*. 2021; (1): 84–92. https://doi.org/10.47737/2307-2873_2021_33_84
4. Roberts M.M., Perkins S.D., Anderson B.L., Sawyer J.T., Brandebourg T.D. Characterization of Growth Performance, Pork Quality, and Body Composition in Mangalica Pigs. *Foods*. 2023; 12(3): 554. <https://doi.org/10.3390/foods12030554>
5. Харзинова В.Р., Костюнина О.В., Карпушкина Т.В., Быкова О.А., Зиновьева Н.А. Изучение популяционной структуры и генетического разнообразия свиней породы венгерская мангалица на основе анализа микросателлитов. *Аграрный вестник Урала*. 2019; (7): 77–81. https://doi.org/10.32417/article_5d52b081b3e348.43320197
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. Schachler K., Distl O., Metzger J. Tracing selection signatures in the pig genome gives evidence for selective pressures on a unique curly hair phenotype in Mangalitsa. *Scientific Reports*. 2020; 10: 22142. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-79037-z>
8. Iacolina L. et al. Genomic diversity and differentiation of a managed island wild boar population. *Heredity*. 2016; 116(1): 60–67. <https://doi.org/10.1038/hdy.2015.70>
9. Yang B. et al. Genome-wide SNP data unveils the globalization of domesticated pigs. *Genetics Selection Evolution*. 2017; 49: 71. <https://doi.org/10.1186/s12711-017-0345-y>
10. Lukić B. et al. Conservation Genomic Analysis of the Croatian Indigenous Black Slavonian and Turpolje Pig Breeds. *Frontiers in Genetics*. 2020; 11: 261. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00261>
11. Purcell S. et al. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *American Journal of Human Genetics*. 2007; 81(3): 559–575. <https://doi.org/10.1086/519795>
12. Keenan K., McGinnity P., Cross T.F., Crozier W.W., Prodöhl P.A. diveRsity: an R package for the estimation and exploration of population genetics parameters and their associated errors. *Methods in Ecology and Evolution*. 2013; 4(8): 782–788. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12067>
13. Francis R.M. POPHELPER: an R package and web app to analyse and visualize population structure. *Molecular Ecology Resources*. 2017; 17(1): 27–32. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12509>
14. Wickham H. ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. Cham: Springer. 2016; XVI: 260. ISBN 978-3-319-24275-0. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-24277-4>

REFERENCES

1. Pavlova S.V., Kozlova N.A., Myshkina M.S., Shchavlikova T.N. Genetic potential of breeding pigs at present. *Effektivnoye zhivotnovodstvo*. 2021; (9): 81–83 (in Russian). <https://elibrary.ru/fwwdvc>
2. Nguyen A.T., Kövér 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>
3. Polkovnikova V.I. Biological, ethological features of the Hungarian Mangalica swine. *Perm Agrarian Journal*. 2021; (1): 84–92 (in Russian). https://doi.org/10.47737/2307-2873_2021_33_84
4. Roberts M.M., Perkins S.D., Anderson B.L., Sawyer J.T., Brandebourg T.D. Characterization of Growth Performance, Pork Quality, and Body Composition in Mangalica Pigs. *Foods*. 2023; 12(3): 554. <https://doi.org/10.3390/foods12030554>
5. Kharzinova V.R., Kostyunina O.V., Karpushkina T.V., Bykova O.A., Zinovieva N.A. The study of the population structure and genetic diversity of Hungarian Mangalica breed of pigs based on microsatellites analysis. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2019; (7): 77–81 (in Russian). https://doi.org/10.32417/article_5d52b081b3e348.43320197
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. Schachler K., Distl O., Metzger J. Tracing selection signatures in the pig genome gives evidence for selective pressures on a unique curly hair phenotype in Mangalitsa. *Scientific Reports*. 2020; 10: 22142. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-79037-z>
8. Iacolina L. et al. Genomic diversity and differentiation of a managed island wild boar population. *Heredity*. 2016; 116(1): 60–67. <https://doi.org/10.1038/hdy.2015.70>
9. Yang B. et al. Genome-wide SNP data unveils the globalization of domesticated pigs. *Genetics Selection Evolution*. 2017; 49: 71. <https://doi.org/10.1186/s12711-017-0345-y>
10. Lukić B. et al. Conservation Genomic Analysis of the Croatian Indigenous Black Slavonian and Turpolje Pig Breeds. *Frontiers in Genetics*. 2020; 11: 261. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00261>
11. Purcell S. et al. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *American Journal of Human Genetics*. 2007; 81(3): 559–575. <https://doi.org/10.1086/519795>
12. Keenan K., McGinnity P., Cross T.F., Crozier W.W., Prodöhl P.A. diveRsity: an R package for the estimation and exploration of population genetics parameters and their associated errors. *Methods in Ecology and Evolution*. 2013; 4(8): 782–788. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12067>
13. Francis R.M. POPHELPER: an R package and web app to analyse and visualize population structure. *Molecular Ecology Resources*. 2017; 17(1): 27–32. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12509>
14. Wickham H. ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. Cham: Springer. 2016; XVI: 260. ISBN 978-3-319-24275-0. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-24277-4>

15. Alexander D.H., Novembre J., Lange K. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Research*. 2009; 19(9): 1655–1664.
<https://doi.org/10.1101/gr.094052.109>
16. Харзинова В.Р. и др. Генетическое разнообразие и филогенетические взаимосвязи пород свиней, разводимых в России, на основе анализа полиморфизма D-петли мтДНК. *Генетика*. 2022; 58(8): 920–932.
<https://doi.org/10.31857/S0016675822080045>

ОБ АВТОРАХ

Вероника Руслановна Харзинова

кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник
 veronika0784@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-8067-0404>

Антон Михайлович Цыб

аспирант
 senior.tsyb@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4054-120X>

Александра Сергеевна Абдельманова

доктор биологических наук, старший научный сотрудник
 abdelmanova@vij.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4752-0727>

Некруз Фарходович Бакоев

кандидат сельскохозяйственных наук, научный сотрудник
 nekruz82@bk.ru
<https://orcid.org/0000-0002-0324-3580>

Надежда Александровна Чурбакова

аспирант
 nadushik95@mail.ru
<https://orcid.org/0009-0006-1061-2715>

Наталья Анатольевна Зиновьева

доктор биологических наук, профессор, академик
 Российской академии наук, директор
 n_zinovieva@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4017-6863>

Федеральный исследовательский центр
 животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста,
 Дубровицы, 60, г. о. Подольск, Московская обл., 142132,
 Россия

15. Alexander D.H., Novembre J., Lange K. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Research*. 2009; 19(9): 1655–1664.
<https://doi.org/10.1101/gr.094052.109>

16. Kharzinova V.R. et al. Genetic Diversity and Phylogenetic Relationships of Russian Pig Breeds Based on the Analysis of mtDNA D-Loop Polymorphism *Russian Journal of Genetics*. 2022; 58(8): 944–954.
<https://doi.org/10.1134/S102279542208004X>

ABOUT THE AUTHORS

Veronika Ruslanovna Kharzinova

Candidate of Biological Sciences, Leading Researcher
 veronika0784@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-8067-0404>

Anton Mikhailovich Tsyb

Graduate Student
 senior.tsyb@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4054-120X>

Alexandra Sergeevna Abdelmanova

Doctor of Biological Sciences, Senior Researcher
 abdelmanova@vij.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4752-0727>

Nekruz Farkhodovich Bakoev

Candidate of Agricultural Sciences, Research Associate
 nekruz82@bk.ru
<https://orcid.org/0000-0002-0324-3580>

Nadezhda Aleksandrovna Churbakova

Graduate Student
 nadushik95@mail.ru
<https://orcid.org/0009-0006-1061-2715>

Natalia Anatolievna Zinovieva

Doctor of Biological Sciences, Professor, Academician
 of the Russian Academy of Sciences, Director
 n_zinovieva@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4017-6863>

L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry,

60 Dubrovitsy 60, Podolsk Municipal District, Moscow Region,
 142132, Russia