

ISSN 1561-8323 (Print)  
ISSN 2524-2431 (Online)

## БИОЛОГИЯ BIOLOGY

УДК 636.4.033:575.174.015.3  
<https://doi.org/10.29235/1561-8323-2025-69-2-129-136>

Поступило в редакцию 11.07.2024  
Received 11.07.2024

**В. Н. Кипень, Е. В. Снытков, М. Е. Михайлова, член-корреспондент Р. И. Шейко**

*Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси, Минск, Республика Беларусь*

### АНАЛИЗ ОДНОНУКЛЕОТИДНОГО ПОЛИМОРФИЗМА С ПРИМЕНЕНИЕМ ТЕХНОЛОГИИ KASP ДЛЯ ИДЕНТИФИКАЦИИ ПОРОД ДОМАШНИХ СВИНЕЙ

**Аннотация.** Впервые в Республике Беларусь с целью дифференциации пород свиней дюрок, ландрас, йоркшир, белорусская крупная белая и белорусская мясная проведен широкомасштабный биоинформатический анализ геномов вида *Sus scrofa domesticus*, а также собственные молекулярно-генетические исследования, по результатам которых сформирован перечень полиморфных вариантов с высоким дифференцирующим потенциалом. Наиболее информативные SNP для дифференциации пород свиней – rs332196135, rs81322965, rs322056535, rs80967182, rs81333725, rs80789418, rs319844693, rs80859281, rs80855833, вошли в тест-системы. На основании статистического анализа генотипов, полученных *in silico* и с помощью технологии конкурентной аллель-специфической ПЦР, определены высокие значения точности и специфичности предложенных моделей. Разработаны методические рекомендации для быстрой и точной дифференциации пород свиней.

**Ключевые слова:** *Sus scrofa domesticus*, дюрок, ландрас, йоркшир, белорусская крупная белая, белорусская мясная, однонуклеотидный полиморфизм, дифференциация, конкурентная аллель-специфическая ПЦР, генотипирование *in silico*

**Для цитирования.** Анализ однонуклеотидного полиморфизма с применением технологии KASP для идентификации пород домашних свиней / В. Н. Кипень, Е. В. Снытков, М. Е. Михайлова, Р. И. Шейко // Доклады Национальной академии наук Беларуси. – 2025. – Т. 69, № 2. – С. 129–136. <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2025-69-2-129-136>

**Viachaslau N. Kipen, Evgenij V. Snytkov, Mariya E. Mikhailova, Corresponding Member Ruslan I. Sheyko**

*Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Republic of Belarus*

### ANALYSIS OF SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISM USING KASP TECHNOLOGY FOR IDENTIFICATION OF DOMESTIC PIGS BREEDS

**Abstract.** For the first time in the Republic of Belarus, a large-scale bioinformatic analysis of the genomes of *Sus scrofa domesticus* species, as well as our own molecular genetic studies, was conducted in order to differentiate Duroc, Landrace, Yorkshire, Belarusian Large White, and Belarusian Meat pig breeds. As a result, a list of polymorphic variants with high differentiating potential was formed. The most informative SNPs for differentiating pig breeds are rs332196135, rs81322965, rs322056535, rs80967182, rs81333725, rs80789418, rs319844693, rs80859281, rs80855833. Based on the statistical analysis of genotypes obtained *in silico* and using competitive allele-specific PCR technology, high values of accuracy and specificity of the proposed models were determined. Methodological recommendations have been developed for the rapid and accurate differentiation of pig breeds.

**Keywords:** *Sus scrofa domesticus*, Duroc, Landrace, Yorkshire, Belarusian Large White, Belarusian Meat, single nucleotide polymorphism, differentiation, competitive allele-specific PCR, *in silico* genotyping

**For citation.** Kipen V. N., Snytkov E. V., Mikhailova M. E., Sheyko R. I. Analysis of single nucleotide polymorphism using KASP technology for identification of domestic pigs breeds. *Doklady Natsional'noi akademii nauk Belarusi = Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*, 2025, vol. 69, no. 2, pp. 129–136 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2025-69-2-129-136>

**Введение.** Определение чистопородности сельскохозяйственных животных в системе селекции играет ключевую роль в развитии животноводства. Учитывая, что количественные характеристики обычно обусловлены множеством генов и их функциональным состоянием (полиген-

ность), выявление значимых корреляций между однонуклеотидными полиморфизмами и фенотипическими признаками может быть достигнуто лишь путем полногеномных исследований.

Определение чистопородности свиней может быть проведено с использованием маркеров двух типов – однонуклеотидных полиморфизмов (SNP, Single Nucleotide Polymorphism) и коротких tandemных повторов (STR, Short Tandem Repeat). Одним из основных преимуществ анализа с использованием STR является возможность мультиплексирования. Однако для успешной характеристики фенотипических признаков необходимо, чтобы ген, ответственный за данный признак, находился в одной и той же группе сцепления с STR. SNP-маркеры обычно более информативны в данном контексте, чем STR. Современная технология мультиплексирования SNP от компании Illumina<sup>®</sup> позволяет значительно увеличить эффективность и точность определения чистопородности свиней и других животных.

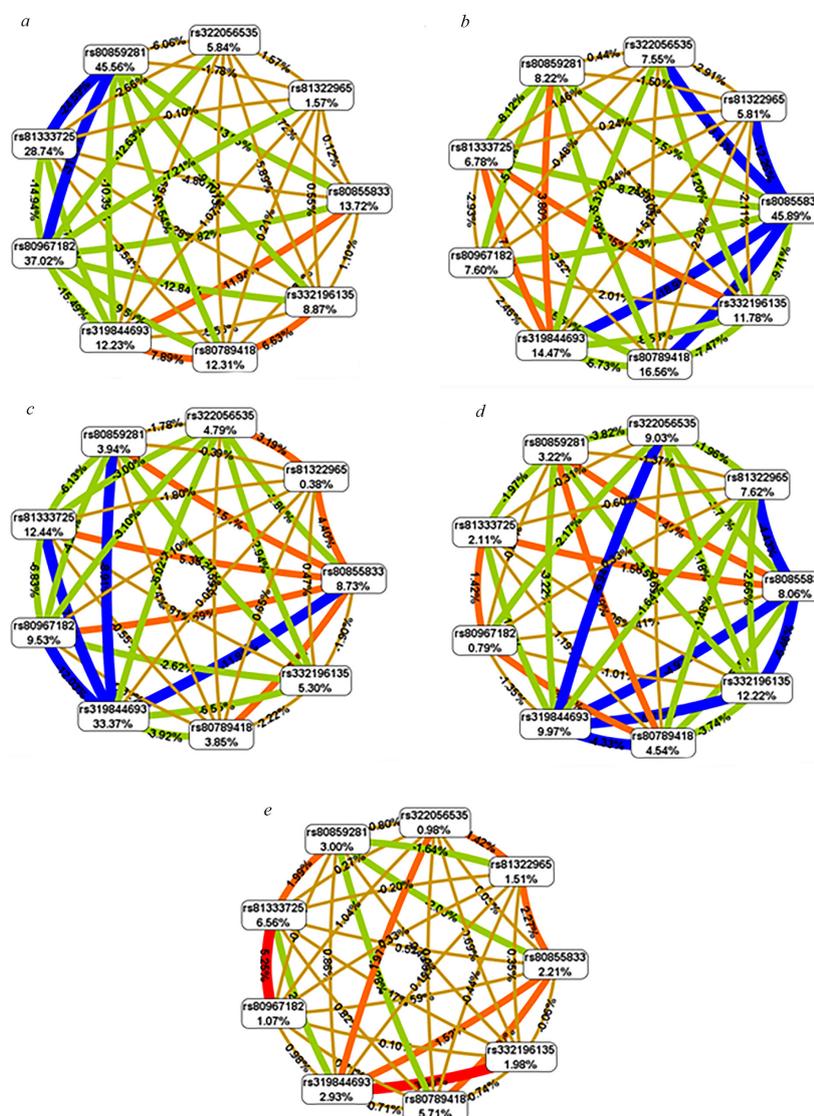
Компанией Illumina<sup>®</sup> разработан чип для полногеномного анализа SNP для животных вида *Sus scrofa* – PorcineSNP60 v2 Genotyping BeadChip, включающий в себя более 64 тыс. SNP [1]. За последние годы в научных журналах было опубликовано более 60 работ, посвященных поиску видо- и породоспецифичных SNP для вида *Sus scrofa*, в том числе с использованием Porcine BeadChip. Также SNP были исследованы в ряде работ для оценки локусов количественных признаков (QTL, Quantitative Trait Loci) или для решения задач по криминалистике [2–12]. Основной целью селекции сельскохозяйственных животных является сохранение и улучшение их породных качеств путем подбора подходящих пар для скрещивания, умелого управления линиями внутри породы и проведения межлинейных скрещиваний для достижения наилучших результатов от комбинации различных линий. Благодаря разнообразию животных в рамках одной породы и их сложной генетической структуре существует возможность достичь значительного прогресса для улучшения породы в заданном направлении. Кроме того, чистопородное разведение заводских линий направлено на обеспечение высококачественного племенного материала для производства животноводческой продукции. Многочисленные исследования подтверждают, что анализ SNP является эффективным и высокочувствительным методом выявления генетического разнообразия в породах и популяциях животных. С его помощью можно не только проверить происхождение животных, но и оценить генетические различия между разными породами, типами, стадами и группами животных.

Цель исследования – выявление SNP с высоким потенциалом дифференциации, необходимых для идентификации принадлежности образцов к определенной породе свиней, с использованием методов биоинформатики. На основании проведенного анализа предлагаются тест-системы, включающие несколько SNP, для идентификации пород свиней дюрок, ландрас, йоркшир, белорусская крупная белая и белорусская мясная.

**Материалы и методы исследования.** *Генотипирование in silico.* Генотипы *in silico* определяли с использованием оригинального программного обеспечения GENIS, написанного на языке Python3.10 [13]. Проведено для 248 особей вида *S. scrofa domesticus*, отсекуенные геномы которых представлены в базе Sequence Read Archive (SRA), номера проектов PRJNA712489, PRJNA671763, PRJNA626370, PRJNA622908, PRJNA553106, PRJNA550237, PRJNA520978, PRJNA507853, PRJNA506339, PRJNA488960, PRJNA487172, PRJNA485589, PRJNA393920, PRJNA378496, PRJNA358108, PRJNA343658, PRJNA322309, PRJNA309108, PRJNA260763, PRJNA255085, PRJEB9922, PRJEB30282, PRJEB1683. *Биологические образцы.* В исследование включены породы свиней йоркшир (ЙО), белорусская крупная белая (БКБ), белорусская мясная (БМ), дюрок (ДЮ) и ландрас (ЛА). Суммарно было проведено генетическое исследование 328 особей вида *Sus scrofa domesticus*. Образцы свиней поставлялись из селекционно-гибридных центров «Заднепровский», «Полесье-Агро» и «ЖодиноАгроПлемЭлита». *Выделение ДНК.* ДНК из образцов ушных выщипов выделяли с использованием набора ДНК-сорб-Б (Праймтех, Беларусь). *KASP-генотипирование.* Определение генотипа по SNP rs332196135 (Chr.3:118879246C>G, Sscrofa11.1, GCF\_000003025.6), rs81322965 (Chr.6:121005974A>G), rs322056535 (Chr.7:52269732A>G), rs80967182 (Chr.7:106301845A>G), rs81333725 (Chr.8:47482649G>T), rs80789418 (Chr.9:48882095A>G), rs319844693 (Chr.10:30081932A>G), rs80859281 (Chr.14:99099156C>T), rs80855833 (Chr.17:15827832G>T) осуществляли с использованием технологии конкурентной аллель-специфической ПЦР (KASP,

Kompetitive allele specific PCR с использованием KASP Assay mix (KASP by Design, KBD) и KASP Master mix (LGC Biosearch Technologies, Великобритания) в термоциклере QuantStudio 5 Real-Time PCR System (Thermo FC, США) согласно имеющимся рекомендациям. Статистический анализ данных. Дифференцирующий потенциал SNP определяли с использованием ROC-анализа в SPSS v.20.0. При наличии нижней границы асимптотического 95 %-ного доверительного интервала (ДИ) более 0,6 для параметра AUC (площадь под кривой) полиморфизм позиционировался как генетический маркер со значимым дифференцирующим потенциалом. Вероятность отнесения образца к одной из групп рассчитывали на основании логистической регрессии. Комплексную оценку дифференцирующего потенциала для совокупности SNP проводили с использованием программы MDR v. 3.0.2 [14].

**Результаты и их обсуждение.** Проведенное нами исследование включало два этапа – биоинформатический и молекулярно-генетический. На первом этапе были сформированы перечни геномов *Sus scrofa domestica* (248 файлов) и SNP (7451 позиция в геноме). В перечень SNP вошли как ранее описанные SNP [15], так и SNP из Axiom® Porcine Genotyping Array (Affymetrix®). Часть SNP была взята из Pig Quantitative Trait Locus Database (Pig QTLdb). По результатам биоинформатического анализа выявлено, что для породы дюрок значения площади под кривой ошибок



Совокупный вклад нескольких SNP для дифференциации породности свиней: *a* – дюрок, *b* – ландрас, *c* – йоркшир, *d* – белорусская крупная белая, *e* – белорусская мясная

The cumulative contribution of several SNPs for the differentiation of pig breed: *a* – Duroc, *b* – Landrace, *c* – Yorkshire, *d* – Belarusian Large White, *e* – Belarusian Meat

AUC для наиболее значимых SNP составляли 0,671–0,831 ( $p$ -уровень  $(7,72 \cdot 10^{-6})$ – $(2,97 \cdot 10^{-18})$ ), для породы ландрас – AUC = 0,592–0,716 ( $p$ -уровень  $(4,88 \cdot 10^{-2})$ – $(3,56 \cdot 10^{-6})$ ), для породы йоркшир – AUC = 0,640–0,742 ( $p$ -уровень  $(4,16 \cdot 10^{-2})$ – $(4,34 \cdot 10^{-4})$ ), для породы крупная белая – AUC = 0,579–0,732 ( $p$ -уровень  $(4,89 \cdot 10^{-2})$ – $(7,97 \cdot 10^{-9})$ ). После генотипирования *in silico* с использованием программы GENIS нами был проведен статистический анализ, в результате которого общее количество информативных маркеров было сокращено до девяти.

Далее для этих SNP с использованием технологии KASP определены генотипы для 328 свиней пяти пород, разводимых в Беларуси. Результаты анализа с использованием метода MDR на массиве генотипов, полученных в процессе молекулярно-генетических исследований, представлены на рисунке. Вклад конкретного генотипа определялся величиной энтропии  $H$  (выраженной в %), при  $H = 100$  % генотип однозначно определяет, к какой группе (породе) относится образец. Наибольшее значение  $H$  для породы дюрок выявлено для SNP rs80859281 (45,56 %), для породы ландрас – rs80855833 (45,89 %), для йоркшира – rs319844693 (33,37 %), для БКБ – rs332196135 (12,22 %), для БМ – rs81333725 (6,56 %). Результаты молекулярно-генетического анализа для SNP представлены в табл. 1.

Т а б л и ц а 1. Результаты генотипирования для особей пяти пород свиней по исследуемым SNP, %  
T a b l e 1. Results of genotyping for individuals of five breeds of pigs according to the studied SNPs, %

SNP	Генотип Genotype	Порода свиней Breeds of pigs				
		ДЮ ( $n = 46$ )	ЛА ( $n = 110$ )	ЙО ( $n = 77$ )	БКБ ( $n = 49$ )	БМ ( $n = 46$ )
rs80789418	AA	–	54,5	13,0	10,2	56,5
	AG	23,9	39,1	41,5	30,6	37,0
	GG	76,1	6,4	45,5	59,2	6,5
rs80855833	GG	–	70,9	7,8	–	19,6
	TG	10,9	29,1	23,4	49,0	52,1
	TT	89,1	–	68,8	51,0	28,3
rs80859281	CC	10,9	100	98,7	100	100
	CT	52,1	–	1,3	–	–
	TT	37,0	–	–	–	–
rs80967182	AA	71,7	–	–	6,1	6,5
	AG	28,3	22,7	5,2	14,3	30,4
	GG	–	77,3	94,8	79,6	63,1
rs81322965	AA	34,8%	67,3	58,4	18,4	63,0
	AG	47,8%	30,0	31,2	44,9	17,4
	GG	17,4%	2,7	10,4	36,7	19,6
rs81333725	GG	95,7	9,0	2,6	20,4	39,1
	TG	4,3	25,5	15,5	44,9	47,8
	TT	–	65,5	81,9	134,7	13,1
rs319844693	AA	100	86,4	5,2	18,4	78,3
	AG	–	10,9	31,2	57,1	17,4
	GG	–	2,7	63,6	24,5	4,3
rs322056535	AA	13,0	24,5	64,9	83,7	58,7
	AG	56,5	47,3	31,2	16,3	23,9
	GG	30,5	28,2	3,9	–	17,4
rs332196135	CC	100	91,8	44,2	20,4	63,0
	CG	–	6,4	33,7	46,9	34,8
	GG	–	1,8	22,1	32,7	2,2

Для каждой из пяти пород свиней выявлены особенности во встречаемости генотипов и аллелей по анализируемым SNP. Например, для породы свиней дюрок SNP rs332196235 и rs319844693 оказались мономорфными. Полиморфизм rs80859281 оказался мономорфным для пород свиней ландрас, БКБ и БМ. В целом для всех отобранных SNP выявлены различия по частоте распространения референсных аллелей.

Далее с использованием ROC-анализа было установлено, что наибольшим дифференцирующим потенциалом свиней породы дюрок обладают SNP rs80859281, rs80967182, rs81333725; для породы ландрас – rs80855833, rs80789418, rs332196135; для йоркшира – rs81333725, rs80855833, rs319844693; для БКБ – rs81322965, rs332196135, rs322066535; для БМ – rs81333725, rs80789418, rs319844693. Результаты ROC-анализа представлены в табл. 2.

Таблица 2. Результаты ROC-анализа

Table 2. ROC analysis results

SNP	AUC	Стандартная ошибка Standard error	p-уровень p-level	95 %-ный ДИ 95 % CI
<i>Дюрок</i>				
rs81333725	0,920	0,016	$7,15 \cdot 10^{-20}$	0,889–0,950
rs80859281	0,945	0,027	$4,07 \cdot 10^{-22}$	0,892–0,997
rs80967182	0,961	0,010	$1,08 \cdot 10^{-23}$	0,941–0,982
<i>Ландрас</i>				
rs332196135	0,688	0,029	$2,52 \cdot 10^{-8}$	0,632–0,745
rs80789418	0,759	0,027	$1,78 \cdot 10^{-14}$	0,707–0,812
rs80855833	0,908	0,016	$1,47 \cdot 10^{-33}$	0,877–0,939
<i>Йоркшир</i>				
rs80855833	0,714	0,032	$1,31 \cdot 10^{-8}$	0,652–0,776
rs81333725	0,741	0,029	$1,44 \cdot 10^{-10}$	0,685–0,797
rs319844693	0,895	0,021	$1,03 \cdot 10^{-25}$	0,855–0,935
<i>БКБ</i>				
rs81322965	0,737	0,039	$1,24 \cdot 10^{-7}$	0,661–0,813
rs322066535	0,738	0,032	$1,12 \cdot 10^{-7}$	0,674–0,801
rs332196135	0,786	0,037	$1,66 \cdot 10^{-10}$	0,714–0,858
<i>БМ</i>				
rs319844693	0,633	0,039	$3,80 \cdot 10^{-3}$	0,556–0,710
rs81333725	0,693	0,037	$2,76 \cdot 10^{-5}$	0,621–0,764
rs80789418	0,707	0,037	$6,44 \cdot 10^{-6}$	0,635–0,780

При оценке точности отнесения образца к одной из пяти пород свиней с использованием различных методов классификации получены данные, представленные в табл. 3.

Таблица 3. Точность классификации образцов (%)

Table 3. Sample classification accuracy (%)

Порода Breed	Метод классификации* Classification method*			
	LOG_all	LOG_LR	MP	MDR
Дюрок	100/100 (9#)	100/99,6 (4)	100/100 (9)	99,2 (3)
Ландрас	85,5/92,7 (9)	84,5/91,3 (6)	88,9/87,5 (9)	90,0 (3)
Йоркшир	79,2/93,6 (9)	79,2/93,6 (5)	88,9/91,3 (9)	89,7 (3)
БКБ	51,0/95,7 (9)	38,8/96,8 (4)	75,0/97,1 (9)	84,6 (3)
БМ	34,8/95,4 (9)	32,6/95,4 (7)	66,7/97,2 (9)	79,5 (3)

Примечания: \* – LOG\_all – логистическая регрессия, принудительное включение всех 9 SNP, LOG\_LR – логистическая регрессия, включение – отношение правдоподобия, MP (Multilayer Perceptron) – многослойный перцептрон (90 % – обучающая выборка, 10 % – контрольная выборка), MDR (Multifactor Dimensionality Reduction) – многофакторное сокращение размерности; # – количество SNP в модели.

Notes: \* – LOG\_all – logistic regression, forced inclusion of all 9 SNPs, LOG\_LR – logistic regression, inclusion – likelihood ratio, MP (Multilayer Perceptron) – multilayer perceptron (90 % – training sample, 10 % – test sample), MDR (Multifactor Dimensionality Reduction) – multifactorial dimensionality reduction; # – number of SNPs in the model.

Наибольшая точность классификации показана для свиней породы дюрок. В зависимости от метода она варьировала в диапазоне от 99,2 до 100 %. Свиньи данной породы были впервые выведены в Северной Америке в 1860-х годах, они разводятся во всем мире благодаря своим особенностям: быстрому росту, высоким показателям качества мяса и др. Дюрок является одной из

наиболее популярных коммерческих пород в мире. Эта порода в генетическом плане отличается от остальных (ландрас, йоркшир, крупная белая) наименьшим полиморфизмом STR-локусов, что, возможно, указывает на высокое давление отбора [16; 17]. Позднее нами был оценен полиморфизм в генах *KDM3A* (rs58335217) и *DBX2* (rs81329035) для пяти пород, разводимых в Беларуси [18]. На основании проведенного исследования именно для свиней породы дюрок был выявлен породоспецифичный полиморфизм.

Для свиней пород ландрас и йоркшир точность классификации варьировала в диапазоне от 84,5–90,0 до 79,2–89,7 % соответственно. Порода ландрас была выведена в Дании в XIX в. путем скрещивания местных свиней с крупной белой породой. Ландрасы славятся своими выдающимися мясными качествами и являются одной из самых популярных пород свиней в мире. Порода ландрас в основном используется в мясном свиноводстве для производства высококачественной свинины. Их часто для улучшения мясных качеств скрещивают с другими породами, такими как крупная белая, дюрок или йоркширская. Йоркширские свиньи выведены в графстве Йоркшир (Англия, XVIII в.) путем скрещивания местных свиней с автохтонными (аборигенными) свиньями из Италии и Китая.

Для свиней пород белорусская крупная белая и белорусская мясная точность классификации составила 38,8–84,6 и 34,8–79,5 % соответственно. Для данных пород характерна сложная система скрещивания с применением других пород свиней. Порода свиней белорусская крупная белая была выведена в Беларуси в 1960-х годах путем скрещивания местных пород свиней с крупными белыми породами из Великобритании и Дании. Белорусская крупная белая – одна из наиболее популярных пород свиней в Беларуси и других странах, часто используется в скрещиваниях с другими породами для улучшения мясных качеств. Порода свиней белорусская мясная выведена в Беларуси путем трехпородного скрещивания ландраса, крупной белой и дюрока. Данная порода адаптирована к климатическим условиям Беларуси, обладает высокой устойчивостью к болезням, хорошей конверсией корма, стрессоустойчивостью.

На основании полученных результатов показано, что чем больше пород используется в селекционных процессах для выведения одной породы, тем частота аллеля для породоспецифичных SNP снижается и оказывается сопоставима с частотой в других породах, т. е. уникальность SNP нивелируется. В то же время идентификация чистых пород, без примесей других пород, совершенно не вызывает затруднений, и точность классификации стремится к 100 %.

**Заключение.** В результате широкомасштабного полногеномного биоинформатического анализа 248 особей вида *S. scrofa domestica*, а также молекулярно-генетического исследования 328 особей пяти пород свиней (дюрок, ландрас, йоркшир, белорусская крупная белая и белорусская мясная), разводимых в Беларуси, установлен высокий значимый дифференцирующий потенциал SNP: rs332196135, rs81322965, rs322056535, rs80967182, rs81333725, rs80789418, rs319844693, rs80859281, rs80855833. Показано, что при анализе трех полиморфизмов для каждой породы точность классификации находится в диапазоне 79,5–99,2 %: максимальное значение точности выявлено для свиней породы дюрок (99,2 %), высокие значения точности – для пород ландрас (90,0 %) и йоркшир (89,7 %), средняя точность – для белорусской крупной белой (84,6 %) и белорусской мясной (79,5 %). На основании полученных результатов разработаны методические рекомендации, которые используются в практике Института генетики и цитологии НАН Беларуси.

**Благодарности.** Молекулярно-генетические исследования выполнены в рамках ГПНИ «Биотехнологии-2» (2021–2025 гг.), подпрограмма «Геномика, эпигеномика, биоинформатика», НИР «Разработка системы генетического анализа для определения чистопородности свиней на основе изучения SNP-локусов» (№ 20210339). Программное обеспечение GENIS разработано в рамках НИР «Биоинформатический подход к анализу данных полногеномного секвенирования для поиска однонуклеотидных замен, способных дифференцировать близкородственные биологические виды» (БРФФИ, 2023–2025 гг., Б23-060).

**Конфликт интересов.** Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

**Acknowledgments.** The study was carried out within the framework of the State Scientific Research Program “Biotechnology-2” (2021–2025), subprogram “Genomics, epigenomics, bioinformatics”, research work “Development of a genetic analysis system for determining the purity of pigs based on the study of SNP loci” (No. 20210339). The GENIS software was developed as part of the research project “Bioinformatics approach to the analysis of whole genome sequencing data for the search for single nucleotide polymorphisms for the differentiation of closely related biological species” (BRFFR, 2023–2025, Б23-060).

**Conflict of interest.** The authors declare no conflicts of interest.

## СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННЫХ ИСТОЧНИКОВ

1. PorcineSNP60 v2 Genotyping BeadChip. – URL: [https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/datasheet\\_porcinesnp60.pdf](https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/datasheet_porcinesnp60.pdf) (date of access: 02.07.2024).
2. Identification of high utility SNPs for population assignment and traceability purposes in the pig using high-throughput sequencing / A. M. Ramos, H. J. Megens, R. P. M. A. Crooijmans [et al.] // *Animal Genetics*. – 2011. – Vol. 42, N 6. – P. 613–620. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2011.02198.x>
3. Genome-wide association study for ham weight loss at first salting in Italian Large White pigs: towards the genetic dissection of a key trait for dry-cured ham production / L. Fontanesi, G. Schiavo, M. Gallo [et al.] // *Animal Genetics*. – 2017. – Vol. 48, N 1. – P. 103–107. <https://doi.org/10.1111/age.12491>
4. Genetic diversity analysis of two commercial breeds of pigs using genomic and pedigree data / R. Zanella, J. O. Peixoto, F. F. Cardoso [et al.] // *Genetics Selection Evolution*. – 2016. – Vol. 48. – Art. 24. <https://doi.org/10.1186/s12711-016-0203-3>
5. Genome-wide study on intramuscular fat in Italian Large White pig breed using the PorcineSNP60 BeadChip / R. Davoli, D. Luise, V. Mingazzini [et al.] // *Journal of Animal Breeding and Genetics*. – 2016. – Vol. 133, N 4. – P. 277–282. <https://doi.org/10.1111/jbg.12189>
6. A genome-wide association study in Large White and Landrace pig populations for number piglets born alive / S. Bergfelder-Drüing, C. Grosse-Brinkhaus, B. Lind [et al.] // *PLoS One*. – 2015. – Vol. 10, N 3. – Art. e0117468. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0117468>
7. A genomewide association study for average daily gain in Italian Large White pigs / L. Fontanesi, G. Schiavo, G. Galimberti [et al.] // *Journal of Animal Science*. – 2014. – Vol. 92, N 4. – P. 1385–1394. <https://doi.org/10.2527/jas.2013-7059>
8. A genome-wide association study to detect QTL for commercially important traits in Swiss Large White boars / D. Becker, K. Wimmers, H. Luther [et al.] // *PLoS One*. – 2013. – Vol. 8, N 2. – Art. e55951. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0055951>
9. Estimation of U.S. Yorkshire breed composition using genomic data / Y. Huang, R. O. Bates, C. W. Ernst [et al.] // *Journal of Animal Science*. – 2014. – Vol. 92, N 4. – P. 1395–1404. <https://doi.org/10.2527/jas.2013-6907>
10. Uimari, P. Whole-genome SNP association analysis of reproduction traits in the Finnish Landrace pig breed / P. Uimari, A. Sironen, M. L. Sevón-Aimonen // *Genetics Selection Evolution*. – 2011. – Vol. 43. – Art. 42. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-43-42>
11. Multi-breed genome-wide association study reveals novel loci associated with the weight of internal organs / Y. He, X. Li, F. Zhang [et al.] // *Genetics Selection Evolution*. – 2015. – Vol. 47. – Art. 87. <https://doi.org/10.1186/s12711-015-0168-7>
12. Оценка интрогрессии генов свиньи домашней (*Sus scrofa domestica*) в генофонд дикого кабана (*Sus scrofa scrofa*) на основе исследования полиморфизма генов *MC1R* и *NR6A1* / В. Н. Кипень, А. О. Рябцева, С. А. Котова [и др.] // *Молекулярная и прикладная генетика*. – 2019. – Т. 26. – С. 83–95.
13. Кипень, В. Н. GENIS – методологический подход для генотипирования *in silico* (апробация на результатах секвенирования для *Sus scrofa*) / В. Н. Кипень, Е. В. Снытков // *Математическая биология и биоинформатика*. – 2024. – Т. 19, № 1. – P. 36–51. <https://doi.org/10.17537/2024.19.36>
14. Multifactor-dimensionality reduction reveals high-order interactions among estrogen–metabolism genes in sporadic breast cancer / M. D. Ritchie, L. W. Hahn, N. Roodi [et al.] // *American Journal of Human Genetics*. – 2001. – Vol. 69, N 1. – P. 138–147. <https://doi.org/10.1086/321276>
15. Дифференциация пород домашних свиней с использованием расширенного биоинформатического анализа SNP / В. Н. Кипень, Е. В. Снытков, М. Е. Михайлова, Р. И. Шейко // *Доклады Национальной академии наук Беларуси*. – 2022. – Т. 66, № 3. – С. 301–309. <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2022-66-3-301-309>
16. Kharzinova, V. R. The pattern of genetic diversity of different breeds of pigs based on microsatellite analysis / V. R. Kharzinova, N. A. Zinovieva // *Вавиловский журнал генетики и селекции*. – 2020. – Т. 24, № 7. – С. 747–754. <https://doi.org/10.18699/vj20.669>
17. Микросателлитные маркеры в исследовании полиморфизма пород свиньи домашней (*Sus scrofa domestica*) / А. О. Рябцева, С. А. Котова, А. Е. Гребенчук [и др.] // *Журнал белорусского государственного университета. Биология*. – 2021. – № 2. – С. 74–83. <https://doi.org/10.33581/2521-1722-2021-2-74-83>
18. Анализ полиморфизма генов *KDM3A* и *DBX2* для дифференциации свиней породы дюрок вида *Sus scrofa domestica* / В. Н. Кипень, М. Е. Михайлова, Е. В. Снытков, Р. И. Шейко // *Доклады Национальной академии наук Беларуси*. – 2023. – Т. 67, № 2. – С. 119–125. <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2023-67-2-119-125>

## References

1. *PorcineSNP60 v2 Genotyping BeadChip*. Available at: [https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/datasheet\\_porcinesnp60.pdf](https://www.illumina.com/content/dam/illumina-marketing/documents/products/datasheets/datasheet_porcinesnp60.pdf) (accessed 2 July 2024).
2. Ramos A. M., Megens H. J., Crooijmans R. P. M. A., Schook L. B., Groenen M. A. M. Identification of high utility SNPs for population assignment and traceability purposes in the pig using high-throughput sequencing. *Animal Genetics*, 2011, vol. 42, no. 6, pp. 613–620. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2011.02198.x>
3. Fontanesi L., Schiavo G., Gallo M., Baiocco C., Galimberti G., Bovo S., Russo V., Buttazzoni L. Genome-wide association study for ham weight loss at first salting in Italian Large White pigs: towards the genetic dissection of a key trait for dry-cured ham production. *Animal Genetics*, 2017, vol. 48, no. 1, pp. 103–107. <https://doi.org/10.1111/age.12491>
4. Zanella R., Peixoto J. O., Cardoso F. F., Cardoso L. L., Biegelmeier P., Cantão M. E., Otaviano A., Caetano A. R., Ledur M. C. Genetic diversity analysis of two commercial breeds of pigs using genomic and pedigree data. *Genetics Selection Evolution*, 2016, vol. 48, art. 24. <https://doi.org/10.1186/s12711-016-0203-3>

5. Davoli R., Luise D., Mingazzini V., Zambonelli P., Braglia S., Serra A., Russo V. Genome-wide study on intramuscular fat in Italian Large White pig breed using the PorcineSNP60 BeadChip. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 2016, vol. 133, no. 4, pp. 277–282. <https://doi.org/10.1111/jbg.12189>
6. Bergfelder-Drüing S., Grosse-Brinkhaus C., Lind B., Erbe M., Schellander K., Simianer H., Tholen E. A genome-wide association study in Large White and Landrace pig populations for number piglets born alive. *PLoS One*, 2015, Vol. 10, no. 3, art. e0117468. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0117468>
7. Fontanesi L., Schiavo G., Galimberti G., Calò D. G., Russo V. A genomewide association study for average daily gain in Italian Large White pigs. *Journal of Animal Science*, 2014, vol. 92, no. 4, pp. 1385–1394. <https://doi.org/10.2527/jas.2013-7059>
8. Becker D., Wimmers K., Luther H., Hofer A., Leeb T. A genome-wide association study to detect QTL for commercially important traits in Swiss Large White boars. *PLoS One*, 2013, vol. 8, no. 2, art. e55951. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0055951>
9. Huang Y., Bates R. O., Ernst C. W., Fix J. S., Steibel J. P. Estimation of U.S. Yorkshire breed composition using genomic data. *Journal of Animal Science*, 2014, vol. 92, no. 4, pp. 1395–1404. <https://doi.org/10.2527/jas.2013-6907>
10. Uimari P., Sironen A., Sevón-Aimonen M. L. Whole-genome SNP association analysis of reproduction traits in the Finnish Landrace pig breed. *Genetics Selection Evolution*, 2011, vol. 43, art. 42. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-43-42>
11. He Y., Li X., Zhang F., Su Y., Hou L., Chen H., Zhang Z., Huang L. Multi-breed genome-wide association study reveals novel loci associated with the weight of internal organs. *Genetics Selection Evolution*, 2015, vol. 47, art. 87. <https://doi.org/10.1186/s12711-015-0168-7>
12. Kipen V. N., Rabcava A. O., Kotava S. A., Zhurina N. V., Handza A. I., Tsybovsky I. S. Polymorphism analysis of *MC1R* and *NR6A1* genes to evaluate the level of introgression of domestic swine (*Sus scrofa domesticus*) genes in wild boar (*Sus scrofa scrofa*) population. *Molekulyarnaya i prikladnaya genetika = Molecular and Applied Genetics*, 2019, vol. 26, pp. 83–95 (in Russian).
13. Kipen V. N., Snytkov E. V. GENIS – methodological approach for *in silico* genotyping (validation on *Sus scrofa* sequencing). *Matematicheskaya biologiya i bioinformatika = Mathematical Biology and Bioinformatics*, 2024, vol. 19, no. 1, pp. 36–51 (in Russian). <https://doi.org/10.17537/2024.19.36>
14. Ritchie M. D., Hahn L. W., Roodi N., Bailey L. R., Dupont W. D., Parl F. F., Moore J. H. Multifactor-dimensionality reduction reveals high-order interactions among estrogen-metabolism genes in sporadic breast cancer. *American Journal of Human Genetics*, 2001, vol. 69, no. 1, pp. 138–147. <https://doi.org/10.1086/321276>
15. Kipen V. N., Snytkov E. V., Mikhailova M. E., Sheyko R. I. Breed differentiation of domestic pigs using SNP – extended bioinformatical analysis. *Doklady Natsional'noi akademii nauk Belarusi = Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*, 2022, vol. 66, no. 3, pp. 301–309 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2022-66-3-301-309>
16. Kharzinova V. R., Zinovieva N. A. The pattern of genetic diversity of different breeds of pigs based on microsatellite analysis. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii = Vavilov Journal of Genetics and Breeding*, 2020, vol. 24, no. 7, pp. 747–754. <https://doi.org/10.18699/vj20.669>
17. Rabtsava A. A., Kotava S. A., Hrebanchuk A. Ya., Gandzha A. I., Zhuryna N. V., Tsybovsky I. S. Microsatellite markers in the study of polymorphism of domestic pig breeds (*Sus scrofa domesticus*). *Zhurnal Belorusskogo gosudarstvennogo universiteta. Biologiya = Journal of the Belarusian State University. Biology*, 2021, vol. 2, pp. 74–83 (in Russian). <https://doi.org/10.33581/2521-1722-2021-2-74-83>
18. Kipen V. N., Mikhailova M. E., Snytkov E. V., Sheyko R. I. Analysis of *KDM3A* and *DBX2* gene polymorphism for differentiation of *Sus scrofa domesticus* duroc pigs. *Doklady Natsional'noi akademii nauk Belarusi = Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*, 2023, vol. 67, no. 2, pp. 119–125 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2023-67-2-119-125>

## Информация об авторах

Кипень Вячеслав Николаевич – канд. биол. наук, доцент, вед. науч. сотрудник. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, Минск, Республика Беларусь). E-mail: v.kipen@igc.by. ORCID: 0000-0002-7822-0746.

Снытков Евгений Владимирович – науч. сотрудник. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, Минск, Республика Беларусь). E-mail: evsnytkov@gmail.com. ORCID: 0000-0001-7961-1952.

Михайлова Мария Егоровна – канд. биол. наук, доцент, заведующий лабораторией. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, Минск, Республика Беларусь). E-mail: M.Mikhailova@igc.by. ORCID: 0000-0001-6087-5069.

Шейко Руслан Иванович – член-корреспондент, д-р с.-х. наук, профессор, гл. науч. сотрудник. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, Минск, Республика Беларусь). E-mail: R.I.Sheyko@igc.by. ORCID: 0000-0001-5442-566X.

## Information about the authors

Kipen Viachaslau N. – Ph. D. (Biology), Associate Professor, Leading Researcher. Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: v.kipen@igc.by. ORCID: 0000-0002-7822-0746.

Snytkov Evgenij V. – Researcher. Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: evsnytkov@gmail.com. ORCID: 0000-0001-7961-1952.

Mikhailova Mariya E. – Ph. D. (Biology), Associate Professor, Head of the Laboratory. Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: M.Mikhailova@igc.by. ORCID: 0000-0001-6087-5069.

Sheyko Ruslan I. – Corresponding Member, D. Sc. (Agrarian), Professor, Chief Researcher. Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: R.I.Sheyko@igc.by. ORCID: 0000-0001-5442-566X.