

Паттерны гомозиготности (РОН) как маркеры генетической структуры популяций свиней пород дюрок и крупная белая

Т. С. Романец^{1✉}, С. Ю. Бакоев², Е. А. Романец¹, Е. Н. Гнедко¹, А. А. Алексеев¹

¹ Донской государственный аграрный университет, п. Персиановский, Ростовская область, Россия

² Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела, п. Лесные Поляны, Московская область, Россия

✉ E-mail: timofey9258@mail.ru

Аннотация. Интенсивный искусственный отбор, инбридинг и популяционные «узкие места» в свиноводстве привели к накоплению гомозиготности (РОН), снижая генетическое разнообразие. Исследование РОН позволяет точно оценить недавний инбридинг и выявить селекционные локусы. **Целью** данной работы являлось проведение сравнительного геномного анализа паттернов гомозиготности (РОН) у свиней пород крупная белая и дюрок, а также количественная оценка инбридинга и выявление специфических особенностей хромосомного распределения гомозиготных сегментов. **Материалы и методы** исследования включали анализ генотипов 900 особей крупной белой породы и 1075 особей породы дюрок с последующим выявлением РОН и расчетом коэффициента инбридинга ($F_{\text{РОН}}$). Генетическую дифференциацию оценивали с помощью многомерного масштабирования (MDS). Для характеристики РОН применялся анализ их длины ($L_{\text{РОН}}$) и хромосомной локализации. **Результаты** показали четкую генетическую дискретность пород. Дюрок демонстрирует значительно более высокий уровень инбридинга ($F_{\text{РОН}} = 0,2334$) и большую суммарную длину РОН ($L_{\text{РОН}} 146 \text{ Мб}$) по сравнению с крупной белой породой ($F_{\text{РОН}} = 0,1447$; $L_{\text{РОН}} 94 \text{ Мб}$). Кроме того, установлено породно-специфичное распределение РОН: у дюрок доминирует локализация в центральных областях хромосом, тогда как у крупной белой породы РОН чаще встречаются в теломерных областях. **Научная новизна** данной работы заключается в комплексном геномном сравнении двух ключевых пород свиноводства – крупной белой и дюрок – посредством анализа паттернов РОН. Работа вносит вклад в понимание хромосомно-специфичного распределения гомозиготности, что позволяет лучше понять влияние различных селекционных давлений на генофонд этих пород.

Ключевые слова: паттерны гомозиготности, РОН, инбридинг, свиньи, крупная белая порода, дюрок

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

Для цитирования: Романец Т. С., Бакоев С. Ю., Романец Е. А., Гнедко Е. Н., Алексеев А. А. Паттерны гомозиготности (РОН) как маркеры генетической структуры популяций свиней пород дюрок и крупная белая // Аграрный вестник Урала. 2026. Т. 26, № 06. С. 1087–1095. <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2026-26-06-1087-1095>.

Дата поступления статьи: 26.02.2026, **дата рецензирования:** 04.05.2026, **дата принятия:** 12.05.2026.

Patterns of homozygosity (ROH) as markers of genetic structure of Duroc and Large White pig populations

T. S. Romanets¹✉, S. Yu. Bakoev², E. A. Romanets¹, E. N. Gnedko¹, A. A. Alekseev¹

¹ Don State Agrarian University, Persianovskiy settlement, Rostov region, Russia

² All-Russian Research Institute of Breeding, Lesnye Polyany, Moscow region, Russia

✉ E-mail: timofey9258@mail.ru

Abstract. Intensive artificial selection, inbreeding, and population bottlenecks in pig production have led to the accumulation of homozygosity (ROH), reducing genetic diversity. ROH analysis allows for the accurate assessment of recent inbreeding and the identification of selection loci. **The purpose** of this study was to conduct a comparative genomic analysis of homozygosity patterns (Runs of Homozygosity, ROH) in Large White and Duroc pig breeds, as well as to quantitatively assess inbreeding and identify specific characteristics of the chromosomal distribution of homozygous segments. **Methods** of the study included genotype analysis of 900 Large White and 1075 Duroc pigs, followed by ROH identification and calculation of the inbreeding coefficient (F_{ROH}). Genetic differentiation was assessed using Multidimensional Scaling (MDS). ROH were characterized by analysis of their length (L_{ROH}) and chromosomal localization. **Results** demonstrated clear genetic discreteness of the breeds. The Duroc breed exhibits a significantly higher level of inbreeding ($F_{ROH} = 0.2334$) and a greater total ROH length (L_{ROH} 146 Mb) compared to the Large White breed ($F_{ROH} = 0.1447$; L_{ROH} 94 Mb). Furthermore, a breed-specific ROH distribution was established: in Durocs, localization in the central regions of chromosomes is dominant, whereas in Large Whites, ROH are more often found in telomeric regions. **The scientific novelty** of this study lies in the comprehensive genomic comparison of two key pig breeds – Large White and Duroc – through the analysis of ROH patterns. This study contributes to the understanding of chromosome-specific homozygosity distribution, which allows for a better understanding of the influence of various selection pressures on the gene pool of these breeds.

Keywords: homozygosity patterns, ROH, inbreeding, pigs, Large White breed, Duroc

Acknowledgements. The study was supported by grant No. 23-76-10009 from the Russian Science Foundation, <https://rscf.ru/project/23-76-10009/>

For citation: Romanets T. S., Bakoev S. Yu., Romanets E. A., Gnedko E. N., Alekseev A. A. Patterns of homozygosity (ROH) as markers of the genetic structure of Duroc and Large White pig populations. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2026; 26 (06): 1087–1095. <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2026-26-06-1087-1095>. (In Russ.)

Date of paper submission: 26.02.2026, **date of review:** 04.05.2026, **date of acceptance:** 12.05.2026.

Introduction (Постановка проблемы)

Развитие современных геномных технологий открывает беспрецедентные возможности для глубокого изучения генетической структуры, истории популяций и уровня генетического разнообразия сельскохозяйственных животных. Одним из наиболее информативных и перспективных показателей, отражающих эти процессы, является аутозиготность – состояние, когда у организма присутствуют идентичные аллели по определенным локусам, унаследованные от общего предка. Они могут либо быть получены от одного и того же предка (Identity by Descent, IBD), либо быть одинаковыми по случайному совпадению (Identity by State, IBS). Сегменты генома, характеризующиеся состоянием IBD, которое приводит к гомозиготности, известны как Runs Of Homozygosity (ROH) – непрерывные

или почти непрерывные участки генома, состоящие из гомозиготных генотипов. Они детектируются с использованием данных генотипирования (например, SNP-чипов) путем выявления последовательностей SNP, где у особи присутствуют одинаковые аллели. Для минимизации ложноположительных результатов ROH обычно определяются как сегменты определенной минимальной длины (например, более 1 Мб) и содержащие определенное минимальное количество SNP, а также с учетом допустимого числа пропусков между SNP. Исследования ROH широко используются в популяционной генетике и геномике животных, поскольку они служат мощным инструментом для точной оценки недавнего инбридинга, реконструкции демографической истории популяций (включая эффекты бутылочного горлышка, миграций и изменения размера популяции), а также для идентификации локусов, подвер-

женных селекционному давлению как у диких, так и у домашних видов [1; 2]. Ключевым преимуществом анализа ROH является возможность различать древние (короткие ROH) и недавние (длинные ROH) эпизоды инбридинга, что позволяет реконструировать более полную картину демографических событий, влиявших на популяцию.

В контексте свиноводства интенсивный искусственный отбор, направленный на улучшение ключевых хозяйственно полезных признаков, таких как скорость роста, конверсия корма, качество туши и репродуктивные признаки, в сочетании с инбридингом и неизбежными популяционными «узкими местами», возникающими в процессе одомашнивания и последующего интенсивного разведения, привели к значительному увеличению количества ROH в геномах современных пород. Такие селекционные практики, направленные на фиксацию желательных аллелей, способствуют их переходу в гомозиготное состояние. Это увеличение ROH ассоциировано не только с повышением общего уровня гомозиготности, но и с увеличением вредных рецессивных мутаций [3; 4]. Когда такие мутации, присутствующие в популяции, оказываются в гомозиготном состоянии из-за ROH, они начинают экспрессироваться, что приводит к снижению жизнеспособности, продуктивности и общему ухудшению фенотипических показателей – состоянию, известному как инбредная депрессия. Таким образом, ROH служат не только индикатором инбридинга, но и потенциальным маркером генетической нагрузки, которая может накапливаться в результате селекции. Важность анализа ROH для понимания механизмов инбридинга и его негативных последствий подчеркивается тем, что ROH позволяют не только оценить общий уровень инбридинга, но и идентифицировать регионы генома, где проявляется его влияние, и оценить риск накопления вредных вариаций. Точная идентификация паттернов ROH и связанной с ними генетической нагрузки, а также потенциальное нивелирование вредных мутаций имеют решающее значение для разработки эффективных селекционных программ, направленных на поддержание высокой продуктивности при одновременном снижении генетического риска и сохранении жизнеспособности поголовья [3; 7].

Объектом исследования в данной работе выбраны две породы свиней: крупная белая и дюрок. Эти породы являются одними из наиболее широко используемых племенных ресурсов в мировом и отечественном свиноводстве, служа основой для создания высокопродуктивных коммерческих стад. Крупная белая порода используется как материнская благодаря своим выдающимся репродуктивным качествам, в то время как порода дюрок является отцовской, отличающейся превосходными показателями скорости роста, конверсии корма и

мясными качествами [8]. Эффективное управление их генофондом, направленное на поддержание и повышение этих ключевых признаков, требует точной оценки текущего уровня инбридинга, выявления зон повышенного риска близкородственного спаривания и понимания генетических последствий такого спаривания. Несмотря на растущее число исследований, посвященных ROH у свиней [9–11], влияние паттернов ROH на конкретные экономические признаки у этих критически важных пород до конца не изучено. Более того, ряд фундаментальных вопросов, касающихся роли ROH в процессах одомашнивания и селекционного формирования пород, остается нерешенным. Например, не до конца ясно, каков ландшафт гомозиготности в геномах пород, сформированных в разных условиях и под разным селекционным давлением, и какие гены, гены-кандидаты или сигнальные пути играют ключевую роль в предрасположенности к накоплению ROH, а также в их фенотипических проявлениях. Анализ ROH как прямого индикатора истинной аутозиготности, полученной от общего предка, может дать существенное представление об этих сложных процессах.

Предлагаемая стратегия исследования сфокусирована на обнаружении, визуализации и построении индивидуальных карт ROH для каждой особи. Это позволяет получить геномную карту гомозиготности для каждого животного, что является гораздо более точным отражением его генетической структуры, чем косвенные методы. На основе этих карт проводится количественная оценка коэффициента инбридинга (F_{ROH}), который отражает реальное проявление аутозиготности по всему геному, и осуществляется детальное представление о хромосомной локализации гомозиготных сегментов [12; 13]. В отличие от косвенных методов оценки инбридинга, основанных на анализе родословных, которые часто страдают от неполноты данных и лишь оценивают *вероятность* наследования идентичных аллелей от предка, анализ ROH напрямую измеряет реальное наличие таких аллелей. Это дает возможность дифференцировать эффект как древнего, так и недавнего скрещивания, основываясь на длине ROH-сегментов: длинные ROH указывают на общего предка в последних поколениях, тогда как короткие – на более отдаленного предка. Кроме того, анализ ROH позволяет выявлять регионы генома, где степень влияния отбора существенно различается в породах с различной историей формирования и селекции, поскольку направленный отбор часто приводит к увеличению гомозиготности в определенных локусах [14; 15].

Таким образом, целью данной работы являются проведение сравнительного геномного анализа паттернов гомозиготности (ROH) у свиней пород крупная белая и дюрок, количественная оценка их

инбридинга и выявление специфических особенностей хромосомного распределения гомозиготных сегментов, что позволит углубить понимание их генетической структуры, истории селекции, потенциальных рисков инбридинга и механизмов адаптации.

Методология и методы исследования (Methods)

Объектом исследования были свиньи крупной белой породы и дюрок. Свиньи породы крупная белая были прогенотипированы на чипах PorcineSNP80v1 с плотностью 80K. Фильтры контроля качества проводились с помощью программного обеспечения plink 1.9 и включали в себя удаление маркеров с частотой минорных аллелей (MAF) $\leq 0,05$, отклонение от равновесия Харди – Вайнберга (HWE) $< 1 \times 10^{-4}$ и варианты и образцы с отсутствующими частотами вызовов, превышающими значение 0,2. Окончательный набор рабочих данных, сохраненных для анализа, включал в себя 900 свиней крупной белой породы и 44964 SNPs. Данные генотипирования по свиньям породы дюрок были взяты в анализ из публичных данных онлайн-репозитория Figshare. Поскольку данные генотипирования, представленные для скачивания, уже прошли проверку контроля качества, они были взяты в анализ без проведения дополнительных фильтраций. В итоге материалы включали информацию по 1075 головам свиней дюрок и 30281 SNPs.

Анализ многомерного масштабирования был выполнен с использованием программного обеспе-

чения plink 1.9 на основании матрицы расстояний между выборками путем объединения данных от двух пород. Координаты MDS помогают визуализировать генетические расстояния и наглядно оценить дифференцируемость пород. Для реализации импутации генотипов использован общедоступный веб-сервер (swimgeno.org) с настройками параметров по умолчанию.

Коэффициент инбридинга, основанный на сериях гомозиготности (F_{ROH}), оценивался с помощью формулы:

$$F_{ROH} = L_{ROH} / L_{AUTO},$$

где L_{ROH} – сумма длин всех ROH;

L_{AUTO} – общая длина аутосомного генома.

Для изучения структуры объединенной популяции свиней пород крупная белая и дюрок был применен метод многомерного масштабирования (MDS). Генетическое сходство оценивалось через попарное расстояние IBS (Identity by State), рассчитанное на основе всех аутосомных SNP. С целью фильтрации данных проводилось выявление популяционных выбросов: для каждой особи идентифицировались пять ближайших соседей по расстоянию IBS. Эти расстояния затем стандартизировались в Z-показатель. Особи, чей минимальный Z-показатель среди пяти соседей был ниже -4, исключались из анализа. Финальные координаты, полученные из этого очищенного набора данных, были извлечены и представлены в виде MDS-plot

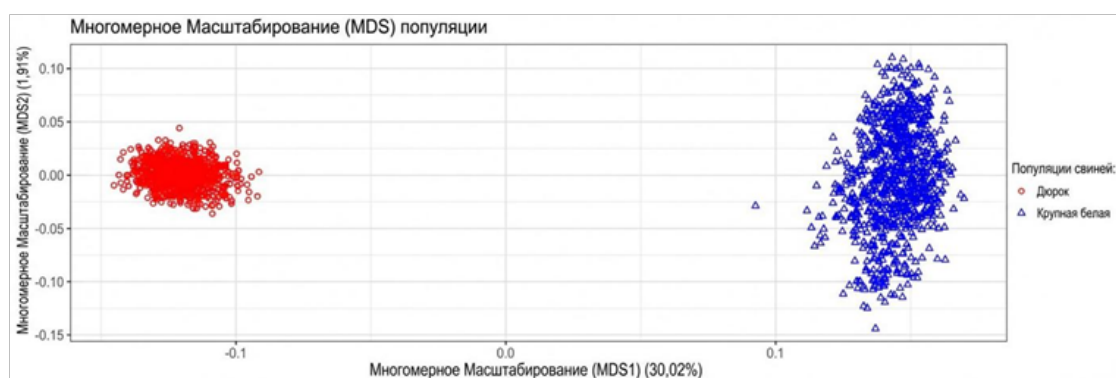


Рис. 1. Многомерное масштабирование (MDS) для анализа дифференцируемости пород крупная белая породы и дюрок

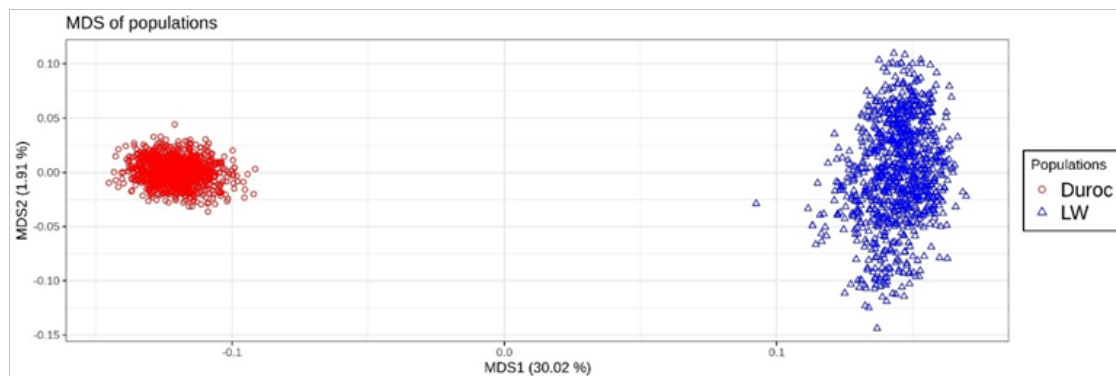


Fig. 1. Multidimensional Scaling (MDS) for the analysis of differentiability of the Large White (LW) and Duroc breeds

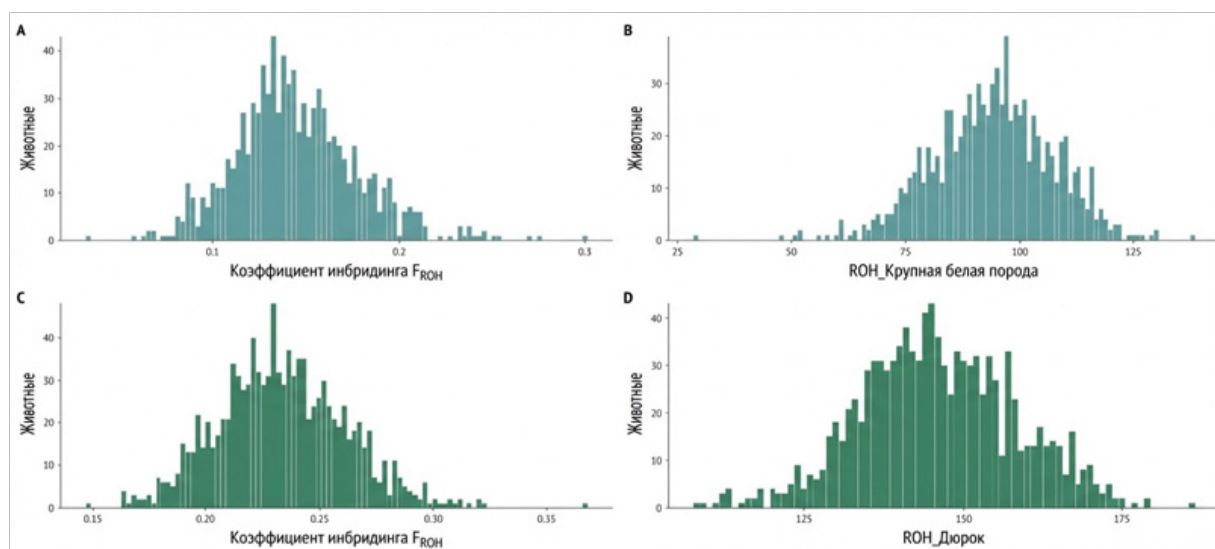


Рис. 2. Распределения коэффициентов инбридинга и количества найденных ROH различной длины для свиней крупной белой породы (A, B) и породы дюрок (C, D)

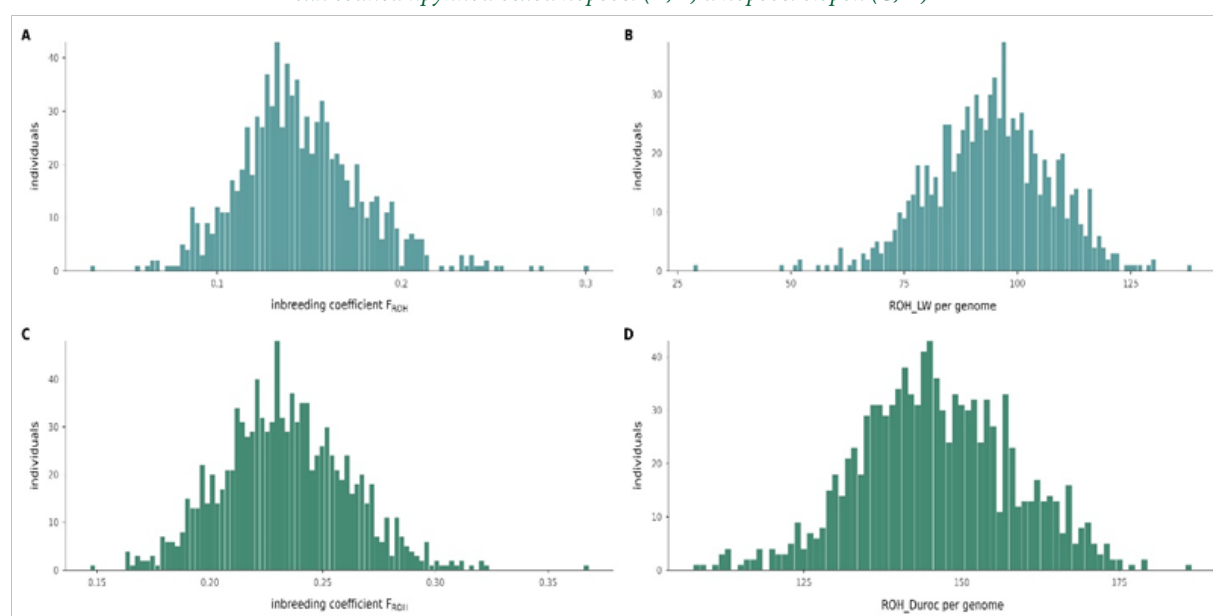


Fig. 2. Distributions of inbreeding coefficients and the number of ROHs of different lengths found for Large White (A, B) and Duroc (C, D)

для визуализации генетической дифференциации.

Результаты (Results)

Структуру объединенной популяции пород крупная белая и дюрок изучали методом многомерного масштабирования (MDS). Расстояние между породами часто отражает разные селекционные цели, которым животные подвергались в прошлом. Изучая оси MDS, можно определить, какие генетические локусы или участки генома больше всего ответственны за дифференциацию между породами и какие гены могут быть связаны с уникальными признаками, присущими одной породе.

Также оценка расхождения с помощью MDS может подтвердить, что популяции, заявленные как отдельные породы, действительно являются генетически дискретными. Если расхождение мини-

мально, это может указывать на недавнее скрещивание или гибридизацию, что ставит под сомнение статус чистопородности.

График MDS (рис. 1) демонстрирует дискретную кластеризацию двух сравниваемых популяций. Порода дюрок формирует плотный кластер, смещенный влево по оси MDS1, в то время как крупная белая порода формирует более разряженный кластер, смещенный вправо. Это четко подтверждает значительную генетическую дифференциацию между породами, указывая на то, что генетическое расстояние между ними существенно превышает внутривидовую вариацию.

Далее было проведено распределение коэффициентов инбридинга и количества, обнаруженных ROH различной длины для исследуемых популяций

свиней.

Для свиней крупной белой породы коэффициенты инбридинга и количество ROH различной длины составили: F_{ROH} (CI95 %) = 0,1447 (0,0905–0,1989) и L_{ROH} (CI95 %) = 94,0489 (72,255–115,8433). Для породы Дюрок эти показатели были выше: F_{ROH} (CI95 %) = 0,2334 (0,1873–0,2796), L_{ROH} (CI95 %) = 145,8558 (125,7560–165,9557).

Как видно из гистограмм (рис. 2), медианные значения F_{ROH} и L_{ROH} у породы дюрок значительно выше (в 1.6 раза по F_{ROH} и в 1.5 раза по L_{ROH}) по сравнению с породой крупная белая. Гистограммы распределения F_{ROH} (панели А и С) подтверждают, что большинство особей дюрок имеют более высокие значения коэффициента инбридинга, чем большинство особей крупной белой породы, при этом распределение особей крупной белой более смещено к низким значениям. Более высокие значения L_{ROH} у дюрок (панель D) указывают на преобладание более длинных гомозиготных сегментов. Это свидетельствует о том, что популяция дюрок, вероятно, пережила интенсивный или недавний эпизод инбридинга либо имеет меньший эффективный размер популяции по сравнению

с породой крупная белая.

Анализ локализации регионов, гомозиготных по происхождению (ROH), показал, что распределение этих участков по геному не является однородным между породами (рис. 3).

Для породы дюрок (панель В) большинство ROH сконцентрировано в центральных (или интерстициальных) областях хромосом. Это часто свидетельствует о давнем или менее интенсивном, но широком по геному инбридинге.

Для породы крупная белая (панель А), напротив, регионы, подверженные ROH, чаще располагаются в теломерных областях. Это может указывать на иной паттерн скрещивания, возможно, связанный с недавним вводом новых линий или более сильным влиянием селекции на конкретные участки генома.

Кроме того, наблюдается выраженная хромосомная специфичность в накоплении ROH. Так, для породы дюрок количество ROH на хромосомах 1, 2, 4 и 14 значительно выше, чем на остальных. Аналогично у породы крупная белая хромосомы 1, 3, 4, 5, 6, 8 и 14 демонстрируют концентрацию ROH, которая в 2–4 раза превышает среднее количество ROH, обнаруживаемых на других хромосомах. Это указывает на наличие «горячих точек» генетического дрейфа или зон, подвергавшихся сильному отбору

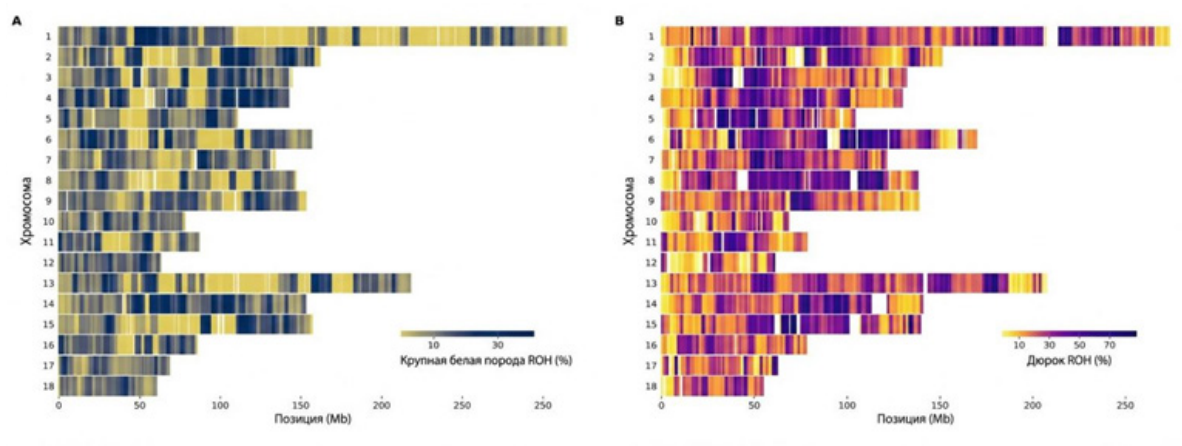


Рис. 3. Распределение ROH по хромосомам для свиней крупная белая (А) и дюрок (В)

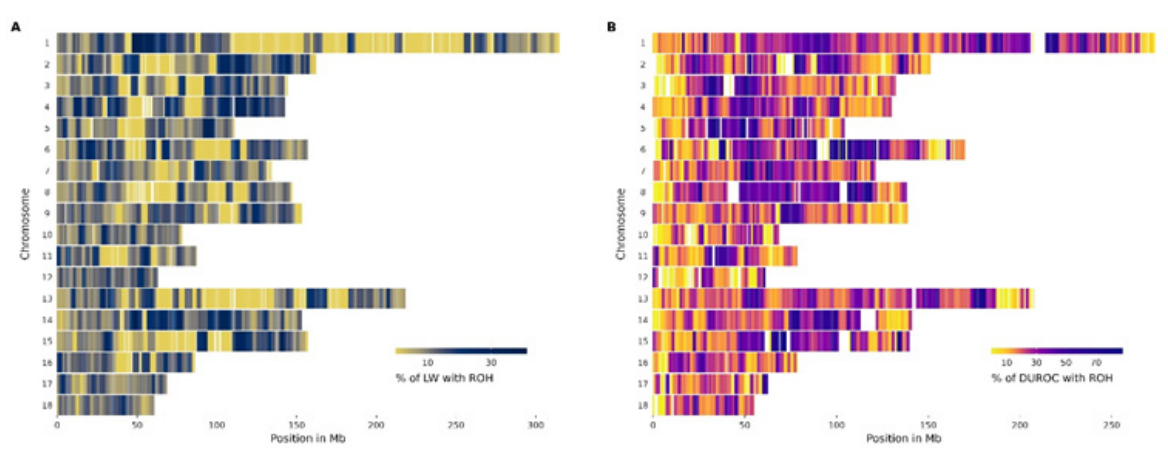


Fig. 3. Distribution of ROH on chromosomes for Large White (LW) (A) and Duroc (B) pigs

в каждой из пород.

Обсуждение и выводы (Discussion and Conclusion)

Проведенное исследование, основанное на всестороннем геномном анализе паттернов гомозиготности (ROH) у свиней пород крупная белая и дюрок, позволило углубить понимание их генетической структуры, уровня инбридинга и истории селекции. Применение метода многомерного масштабирования (MDS) убедительно продемонстрировало четкую генетическую дискретность двух сравниваемых популяций. Смещение кластера породы дюрок в разные стороны, а также существенное генетическое расстояние между ними, превышающее внутривидовую вариацию, подтверждают, что обе породы представляют собой обособленные генетические группы, сформированные под влиянием различных селекционных программ и демографических событий.

В результате расчетов, основанных на идентификации ROH, было установлено значительное различие в уровне инбридинга и накоплении гомозиготных сегментов между породами. Порода дюрок демонстрирует значительно более высокий уровень инбридинга ($F_{ROH} = 0,2334$) и большую суммарную длину ROH ($L_{ROH} = 145,86$ Мб) по сравнению с породой крупная белая ($F_{ROH} = 0,1447$; $L_{ROH} = 94,05$ Мб). Эти показатели свидетельствуют о том, что популяция дюрок, вероятно, пережила более интенсивные или недавние эпизоды инбридинга либо имеет меньший эффективный размер популяции по сравнению с крупной белой породой. Высокий уровень ROH у дюрок может быть связан с интенсивным отбором на ключевые мясные признаки, такие как темпы роста, мышечная масса и низкое содержание жира, которые зачастую требуют близкородственного спаривания и консолидации желаемых генов в гомозиготном состоянии. В то же время более низкие, но все же значительные показатели ROH у крупной белой породы могут отражать иную селекционную историю, возможно, с более широкими целями отбора (включая материнские качества, молочность) или поддержание более крупного эффективного размера популяции на протяжении большей части селекционного периода.

Важнейшим результатом работы является выявление породно-специфичных особенностей хромосомного распределения ROH. У породы дюрок доминирует локализация ROH в центральных (интерстициальных) областях хромосом. Такой паттерн может свидетельствовать о давнем, но широком по геному инбридинге или о действии селекционных давлений, затрагивающих крупные участки генома, возможно, включающие гены, контролирующие множество признаков. В отличие от этого, у породы крупная белая регионы, подверженные ROH, чаще располагаются в теломерных областях хромосом, что может указывать на иной паттерн скрещивания

или селекционного воздействия, возможно, связанный с недавним вводом новых генетических линий, активным отбором на конкретные гены, расположенные на концах хромосом, или локализацией генов, связанных с определенными фенотипическими особенностями, в теломерных регионах.

Кроме того, наблюдается выраженная хромосомная специфичность в накоплении ROH. Так, у породы дюрок выделяются хромосомы 1, 2, 4 и 14 как центры накопления ROH, тогда как у крупной белой породы — хромосомы 1, 3, 4, 5, 6, 8 и 14. Эти «горячие точки» накопления ROH, где частота или длина гомозиготных сегментов в 2–4 раза превышает средние показатели по геному, являются индикаторами регионов, подверженных сильному генетическому дрейфу или направленному отбору в процессе формирования каждой из пород. Проявляющаяся высокая концентрация ROH в обеих породах в хромосоме 14, вероятно, содержит гены, имеющие фундаментальное значение для развития и продуктивности свиней, которые активно отбирались независимо в различных селекционных линиях.

Полученные данные имеют прямое практическое значение для селекционных программ. Показатели ROH, в частности коэффициент F_{ROH} , обеспечивают точную количественную оценку недавней аутозиготности. Они дополняют и расширяют возможности классического анализа инбридинга, эффективность которого часто ограничена неполнотой племенных данных. Использование геномной информации позволяет достоверно идентифицировать особей с высокой степенью гомозиготности и проводить селекционную работу таким образом, чтобы минимизировать риски проявления инбредной депрессии, сохраняя при этом необходимый уровень генетического разнообразия популяции.

Изучение хромосомной локализации ROH и выявление «горячих точек» может быть использовано для более целенаправленного картирования генов, связанных с экономически важными признаками. Понимание того, какие регионы генома подвергались интенсивному отбору, может помочь в разработке стратегий маркер-ассоциированной (MAS) и геномной селекции (GS), направленных на повышение продуктивности, качества мяса, репродуктивных функций и устойчивости к заболеваниям. Для пород, таких как дюрок, где наблюдается высокий уровень инбридинга, мониторинг ROH является критически важным для предотвращения чрезмерной потери генетической изменчивости, которая может подорвать долгосрочную адаптивность и продуктивность.

В заключение паттерны гомозиготности (ROH) являются мощным инструментом для оценки генетической структуры, уровня недавнего инбридинга и истории селекционного давления в популяциях

свиней. Данное исследование на породах дюрок и крупная белая показало существенные породно-специфичные различия в уровне и хромосомном распределении ROH, что отражает их уникальные селекционные траектории и демографическую

историю. Полученные знания открывают новые возможности для более точного управления генетическими ресурсами, повышения эффективности селекции и сохранения генетического разнообразия в этих ключевых для свиноводства породах.

Библиографический список (References)

1. Bakoev S., Kolosov A., Bakoev F., Kostyunina O., Bakoev N., Romanets T., Koshkina O., Getmantseva L. Analysis of Homozygous-by-Descent (HBD) segments for purebred and crossbred pigs in Russia. *Life (Basel)*. 2021; 22 (11): 861. DOI: 10.3390/life11080861.
2. Sakaue S., Kanai M., Tanigawa Y., Karjalainen J., Kurki M., Koshiba S., et al. A cross-population atlas of genetic associations for 220 human phenotypes. *Nature genetics*. 2021; 53(10): 1415–1424. DOI: 10.1038/s41588-021-00931-x.
3. Tao L., Liu H., Adeola A.C. et al. The effects of runs-of-homozygosity on pig domestication and breeding. *BMC Genomics*. 2025; 26 (1): 6. DOI: 10.1186/s12864-024-11189-y.
4. Lunney J. K., Van Goor A., Walker K. E., Hailstock T., Franklin J., Dai C. Importance of the pig as a human biomedical model. *Science Translational Medicine*. 2021; 13 (621): eabd5758. DOI: 10.1126/scitranslmed.abd5758.
5. Harlizius B., Mathur P., Knol E. F. Breeding for resilience: new opportunities in a modern pig breeding program. *Journal of animal science*. 2020; 98: S150–S154.
6. Mulim H. A., Brito L. F., Pinto L. F. B., et al. Characterization of runs of homozygosity, heterozygosity-enriched regions, and population structure in cattle populations selected for different breeding goals. *BMC Genomics*. 2022; 23 (1): 209. DOI: 10.1186/s12864-022-08384-0.
7. Sun S., Wang B., Li C., Xu G., Yang J., Hufford M. B., Ross-Ibarra J., Wang H., Wang L. Unraveling prevalence and effects of deleterious mutations in maize elite lines across decades of modern breeding. *Molecular Biology and Evolution*. 2023; 40 (8): msad170.
8. Kušec G., Kušec I. D. *Tracing the domestic pig*. London: Books on Demand, 2024. 188 p.
9. Tao L., Wang L. G., Adeola A. C., et al. Associations of autozygosity with economic important traits in a cross of Eurasian pigs. *Journal of Genetics and Genomics*. 2023; 50 (3): 216–20. DOI: 10.1016/j.jgg.2022.09.002.
10. Zhang Y., Zhuo Y., Ning C., Zhou L., Liu J. F. Estimate of inbreeding depression on growth and reproductive traits in a Large White pig population. G3: Genes, Genomes. *Genetics*. 2022; 12 (7): jkac118.
11. Zhao F., Zhang P., Wang X., Akdemir D., Garrick D., He J., Wang L. Genetic gain and inbreeding from simulation of different genomic mating schemes for pig improvement. *Journal of animal science and biotechnology*. 2023; 14 (1): 87. DOI: 10.1186/s40104-023-00872-x.
12. Mekonnen K. T., Lee D. H., Cho Y. G., Son A. Y., Seo K. S. Genomic and conventional inbreeding coefficient estimation using different estimator models in Korean Duroc, Landrace, and Yorkshire breeds using 70K Porcine SNP BeadChip. *Animals*. 2024; 14 (17): 2621. DOI: 10.3390/ani14172621.
13. Shi L., Wang L., Liu J., et al. Estimation of inbreeding and identification of regions under heavy selection based on runs of homozygosity in a Large White pig population. *Journal of Animal Science and Biotechnology*. 2020; 11 (1), 46. DOI: 10.1186/s40104-020-00447-0.
14. Szmatoła T., Gurgul A., Jasiełczuk I., Ropka-Molik K. Comprehensive analysis of runs of homozygosity and heterozygosity in holstein Cattle on the basis of medium and high density SNP panels and large population sample. *Annals of Animal Science*. 2024; 24 (2): 431–444. DOI: 10.2478/aoas-2023-0100.
15. Falchi L., Cesarani A., Brito L. F., et al. Runs of homozygosity in Italian Holstein bulls: a permutation approach and time-based mapping of the genomic regions potentially under selection. *BMC genomics*. 2026; 27: 203. DOI: 10.1186/s12864-026-12564-7.

Об авторах:

Тимофей Сергеевич Романец, кандидат сельскохозяйственных наук, доцент кафедры разведения сельскохозяйственных животных, частной зоотехнии и зоогигиены имени академика П. Е. Ладана; ведущий научный сотрудник лаборатории молекулярно-генетической экспертизы, Донской государственный аграрный университет, п. Персиановский, Ростовская область, Россия; ORCID 0000-0002-0690-4217, AuthorID 795315. E-mail: timofey9258@mail.ru

Сирождин Юсуфович Бакоев, доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник, Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела, п. Лесные Поляны, Московская область, Россия; ORCID 0000-0003-1868-3148, AuthorID 603915. E-mail: siroj1@yandex.ru

Елена Андреевна Романец, младший научный сотрудник лаборатории молекулярно-генетической экспертизы, Донской государственный аграрный университет, п. Персиановский, Ростовская область, Россия; ORCID 0000-0003-2824-9564, AuthorID 911920. *E-mail: lena9258@mail.ru*

Евгения Николаевна Гнедко, аспирант, Донской государственный аграрный университет, п. Персиановский, Ростовская область, Россия; ORCID 0009-0003-1975-2069, AuthorID 1256287.

E-mail: evgeniyagnedko@yandex.ru

Александр Анатольевич Алексеев, лаборант-исследователь лаборатории молекулярно-генетической экспертизы, Донской государственный аграрный университет, п. Персиановский, Ростовская область, Россия; ORCID 0009-0008-1082-1888, AuthorID 1238714. *E-mail: sachaalekseev88@gmail.com*

Authors' information:

Timofey S. Romanets, candidate of agricultural sciences, associate professor at the department of farm animal breeding, private animal science, and animal hygiene named after Academician P. E. Ladan; leading researcher at the laboratory of molecular genetic expertise, Don State Agrarian University, Persianovskiy settlement, Rostov region, Russia; ORCID 0000-0002-0690-4217, AuthorID 795315. *E-mail: timofey9258@mail.ru*

Sirozhdin Y. Bakoev, doctor of biological sciences, leading researcher, All-Russian Research Institute of Breeding, Lesnye Polyany, Moscow region, Russia; ORCID 0000-0003-1868-3148, AuthorID 603915.

E-mail: sirojl@yandex.ru

Elena A. Romanets, junior research at the laboratory of molecular genetic expertise, Don State Agrarian University, Persianovskiy settlement, Rostov region, Russia; ORCID 0000-0003-2824-9564, AuthorID 911920.

E-mail: lena9258@mail.ru

Evgeniya N. Gnedko, postgraduate at the department of farm animal breeding, private animal science, and animal hygiene named after Academician P. E. Ladan, Don State Agrarian University, Persianovskiy settlement, Rostov region, Russia; ORCID 0009-0003-1975-2069, AuthorID 1256287. *E-mail: evgeniyagnedko@yandex.ru*

Aleksandr A. Alekseev, laboratory research assistant at the laboratory of molecular genetic expertise, Don State Agrarian University, Persianovskiy settlement, Rostov region, Russia; ORCID 0009-0008-1082-1888, AuthorID 1238714. *E-mail: sachaalekseev88@gmail.com*