

ISSN 1029-8940 (Print)

ISSN 2524-230X (Online)

УДК 636.4.033:575.174.015.3

<https://doi.org/10.29235/1029-8940-2025-70-1-69-79>

Поступила в редакцию 11.07.2024

Received 11.07.2024

В. Н. Кипень, Е. В. Снытков, М. Е. Михайлова*Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Минск, Республика Беларусь***УСТАНОВЛЕНИЕ ПОРОДНОГО СОСТАВА СВИНЕЙ
С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ТЕХНОЛОГИИ KASP**

Аннотация. Установлен высокий дифференцирующий потенциал семи полиморфных вариантов для различения свиней пород йоркшир, белорусская крупная белая и белорусская мясная, разводимых в Беларуси. Для свиней породы йоркшир предложена модель, включающая три однонуклеотидных полиморфизма – Chr.6:g.121005974A>G, Chr.17:g.15827832G>T, Chr.10:g.30081932A>G; для свиней породы белорусская крупная белая – Chr.6:g.121005974A>G, Chr.3:g.118879246C>G, Chr.7:g.52269732A>G; для свиней породы белорусская мясная – Chr.8:g.47482649G>T, Chr.9:g.48882095A>G, Chr.10:g.30081932A>G. Модели характеризуются высокими значениями точности, специфичности и чувствительности. Подход к дифференциации пород свиней основан на технологии конкурентной аллель-специфической ПЦР.

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

Для цитирования: Кипень, В. Н. Установление породного состава свиней с использованием технологии KASP / В. Н. Кипень, Е. В. Снытков, М. Е. Михайлова // Весті Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Серыя біялагічных навук. – 2025. – Т. 70, № 1. – С. 69–79. <https://doi.org/10.29235/1029-8940-2025-70-1-69-79>

Vyacheslav N. Kipen', Evgenij V. Snytkov, Mariya E. Mikhailova*Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Republic of Belarus***ESTABLISHING THE BREED COMPOSITION OF PIGS USING KASP TECHNOLOGY**

Abstract. A high differentiating potential of seven polymorphic variants has been identified to distinguish between Yorkshire, Belarusian Large White and Belarusian Meat pig breeds bred in Belarus. For the Yorkshire pig breed, a model is proposed including three single nucleotide polymorphisms – Chr.6:g.121005974A>G, Chr.17:g.15827832G>T, Chr.10:g.30081932A>G; for the Belarusian Large White pig breed – Chr.6:g.121005974A>G, Chr.3:g.118879246C>G, Chr.7:g.52269732A>G; for the Belarusian Meat pig breed – Chr.8:g.47482649G>T, Chr.9:g.48882095A>G, Chr.10:g.30081932A>G. The models demonstrate high accuracy, specificity, and sensitivity values. The approach to differentiating pig breeds is based on the technology of competitive allele-specific PCR.

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

For citation: Kipen' V. N., Snytkov E. V., Mikhailova M. E. Establishing the breed composition of pigs using KASP technology. *Vesti Natsyonal'nai akademii nauk Belarusi. Seriya biyalagichnykh nauk = Proceedings of the National Academy of Sciences of Belarus. Biological series*, 2025, vol. 70, no. 1, pp. 69–79 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1029-8940-2025-70-1-69-79>

Введение. Основная цель селекции сельскохозяйственных животных – сохранение биоразнообразия и улучшение породных качеств. Это достигается несколькими путями: тщательный подбор пар для скрещивания, чтобы получить потомство с желаемыми признаками; поддержание различных линий внутри породы, каждая из которых обладает своими уникальными преимуществами; скрещивание линий для получения потомства, которое сочетает в себе лучшие качества обеих родительских линий [1]. Такой подход позволяет использовать генетический потенциал внутри породы для изменения ее характеристик в заданном направлении, например, для улучшения мясной продуктивности или устойчивости к болезням. Помимо этого, чистопородное разведение заводских пород обеспечивает получение высококачественного племенного материала для товарного животноводства.

Однонуклеотидные полиморфизмы (Single Nucleotide Polymorphism, SNP) – это небольшие генетические вариации, которые широко распространены в геноме. Их анализ позволяет вы-

явить генетическую разнородность между видами, породами и линиями животных. SNP являются ценным материалом для контроля происхождения животных и определения степени их генетических различий, а также дают возможность контролировать генетически обусловленные особенности, связанные с продуктивностью или устойчивостью к болезням. Анализ SNP в настоящее время автоматизирован и высокотехнологичен, что позволяет быстро и эффективно исследовать большое количество образцов. Более того, использование технологии конкурентной аллель-специфической ПЦР (competitive allele-specific PCR, KASP) делает анализ SNP доступным для небольших лабораторий или фермерских хозяйств. Анализ SNP для оценки генетического разнообразия пород свиней отражен в многочисленных исследованиях [2–18].

Как правило, исследователи не говорят о дифференцирующем потенциале конкретного SNP в контексте различения пород свиней, однако в настоящее время в Национальном центре биотехнологической информации (National Center for Biotechnology Information, NCBI) в открытом доступе находится довольно много материалов относительно полногеномных сиквенсных проектов для вида *S. scrofa*, характеризующихся достаточной глубиной прочтения для определения генотипа *in silico* с использованием методов биоинформатики. Самостоятельно проведенный биоинформатический анализ этих данных позволяет определить локусы для молекулярно-генетических исследований.

В Беларуси разводятся следующие породы свиней: белорусская крупная белая (БКБ), белорусская мясная (БМ), йоркшир, ландрас, дюрок и др. Основная доля поголовья приходится на долю БКБ, БМ и йоркшира.

Йоркширских свиней впервые начали разводить в графстве Йоркшир (Англия) в середине XIX в. Порода была выведена путем скрещивания местных свиней с автохтонными свиньями из Италии и Китая. Представители породы имеют белый окрас, они довольно крупные: вес хряков достигает 300–400 кг, вес свиноматок – 250–350 кг. Экстерьерные характеристики: голова длинная и узкая, с прямым профилем, уши небольшие, стоячие, тело длинное и мускулистое, с широкой спиной и глубоким окороком. Мясо йоркширских свиней характеризуется как диетическое, так как имеет небольшое количество жира. Выход мяса высокий по сравнению с другими породами свиней. Йоркширская порода популярна во многих странах мира, где она используется для производства высококачественного мяса и при скрещивании с другими породами для улучшения качества мяса.

Порода свиней БКБ была выведена в Беларуси в 1960-х гг. путем скрещивания местных пород с крупными белыми породами из Великобритании и Дании. Экстерьерные характеристики: масть белая, голова длинная и узкая, с прямым профилем, уши небольшие, стоячие, тело длинное и мускулистое, с широкой спиной и глубоким окороком. Свиньи довольно крупные: вес хряков достигает 350–400 кг, вес свиноматок – 250–300 кг. Мясо отличается нежным, сочным вкусом и небольшим количеством жира, выход мяса высокий. БКБ – одна из наиболее популярных пород свиней как в Беларуси, так и в других странах, она часто используется в скрещиваниях с другими породами для улучшения мясных характеристик.

Порода свиней БМ выведена в Беларуси путем скрещивания пород ландрас, крупная белая и дюрок. Экстерьерные характеристики: крупное, гармонично развитое тело, длинная и широкая голова с прямым профилем, широкая глубокая грудь, длинная прямая спина, окорока округлые, хорошо развиты, шерсть белая, кожа розовая, уши средние, слабо подвижные, направленные вперед. Средняя масса тела хряков составляет 320–340 кг, свиноматок – 220–240 кг. Свиньи этой породы обладают высокой мясностью (мясо-сальный тип), мясо содержит небольшое количество внутримышечного жира. БМ адаптирована к климатическим условиям Беларуси, обладает высокой устойчивостью к болезням, хорошей конверсией корма, стрессоустойчивостью.

Таким образом, цель данной работы – оценить дифференцирующий потенциал SNP для различения свиней пород йоркшир, БКБ и БМ между собой, а также с другими породами (дюрок, ландрас), представленными в Беларуси.

Материалы и методы исследования. *Биологические образцы.* В исследование включены следующие породы свиней: БКБ (49 животных), БМ (46 животных), дюрок (46 животных), ландрас (110 животных), йоркшир (77 животных). Суммарно было проанализировано 328 образцов ушных выщипов свиней. Оценка породной принадлежности осуществлялась сотрудниками селекционно-гибридных центров.

Выделение ДНК. ДНК из образцов ушных выщипов выделяли с использованием набора ДНК-сорб-Б (ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора, Россия) в соответствии с рекомендациями производителя.

KASP. Определение генотипа по SNP (Sscrofa11.1, GCF_000003025.6): rs332196135 (AX-116218162, Chr.3:118879246C>G), rs81322965 (AX-116298633, Chr.6:121005974A>G), rs322056535 (AX-116735790, Chr.7:52269732A>G), rs80967182 (AX-116690009, Chr.7:106301845A>G), rs81333725 (AX-116346555, Chr.8:47482649G>T), rs80789418 (AX-116379068, Chr.9:48882095A>G), rs319844693 (AX-116406049, Chr.10:30081932A>G), rs80859281 (AX-116519407, Chr.14:99099156C>T), rs337649492 (AX-116542446, Chr.15:58295974A>C), rs80855833 (AX-116581153, Chr.17:15827832G>T) – осуществляли с использованием технологии, основанной на конкурентной аллель-специфической ПЦР (KASP). Для анализа использовали KASP Assay mix (KASP by Design, KBD) и KASP Master mix (LGC Biosearch Technologies, Великобритания; ООО «Максим Медикал», РФ). ПЦР осуществляли в объеме 10 мкл, использовали амплификатор Applied Biosystems QuantStudio 5 Real-Time PCR System (Thermo Fisher Scientific, США). На рис. 1 представлены 2D-графики аллельной дискриминации для SNP rs332196135, rs81322965, rs322056535, rs81333725, rs80789418, rs319844693, rs80855833.

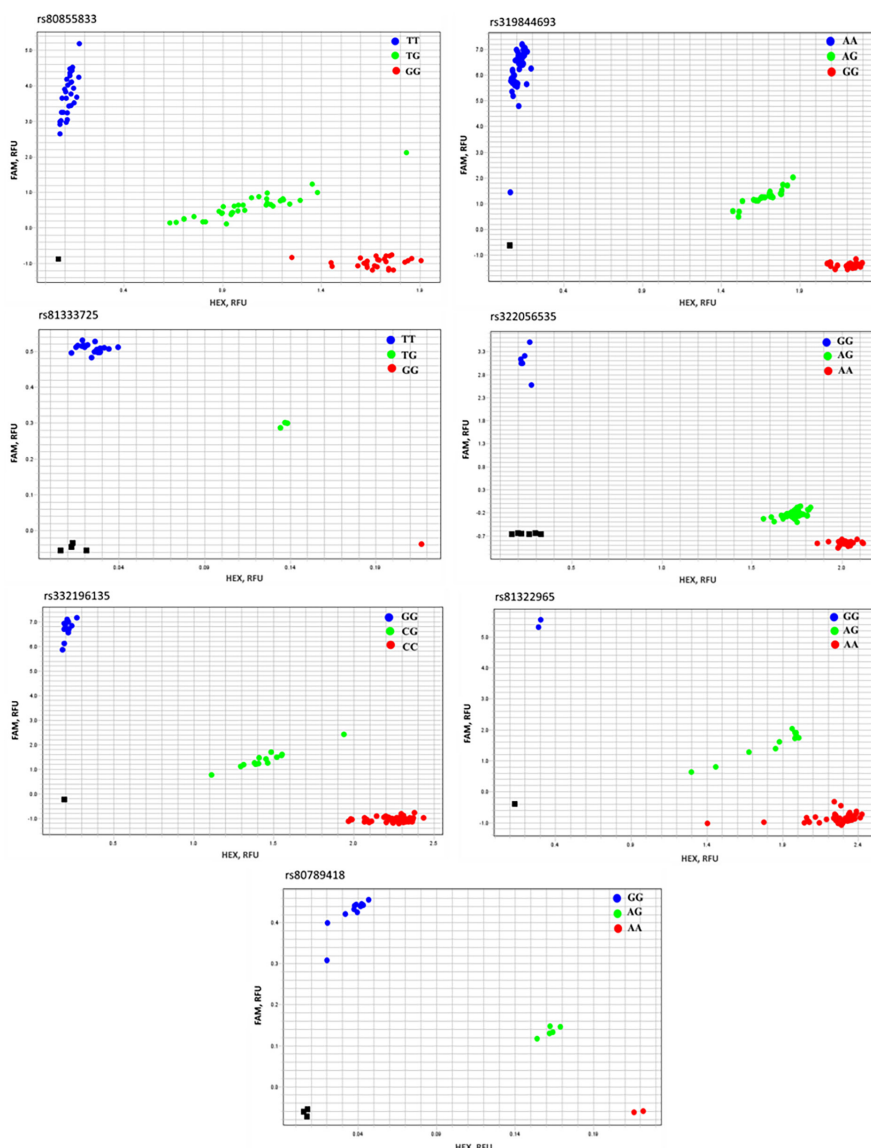


Рис. 1. Аллельная дискриминация для SNP, вошедших в тест-системы для дифференциации пород свиней йоркшир, БКБ и БМ

Fig. 1. Allelic discrimination for SNPs included in test systems for differentiating Yorkshire, BLW and BM pig breeds

Определение генома in silico. Генотипы *in silico* для животных, геномы которых были представлены в открытом доступе в NCBI, определяли с использованием оригинального программного обеспечения GENIS [19]. В биоинформатическом анализе были задействованы 248 особей вида *S. scrofa domesticus*, отсеквенированные геномы которых расположены в базе Sequence Read Archive (SRA) [20]: PRJNA322309, PRJNA343658, PRJNA671763, PRJNA712489, PRJEB1683, PRJEB30282, PRJEB9922, PRJNA255085, PRJNA260763, PRJNA506339, PRJNA507853, PRJNA520978, PRJNA550237, PRJNA553106, PRJNA309108, PRJNA485589, PRJNA487172, PRJNA488960, PRJNA622908, PRJNA626370.

Статистический анализ данных. Дифференцирующий потенциал SNP определяли с использованием ROC-анализа (receiver operating characteristic) в SPSS v.20.0. При наличии нижней границы асимптотического 95%-го доверительного интервала (ДИ) более 0,6 для параметра AUC (площадь под кривой) полиморфизм позиционировался как генетический маркер с дифференцирующим потенциалом выше среднего. Оценку дифференцирующего потенциала для совокупности SNP проводили с использованием программы MDR v.3.0.2 [21]. Вклад конкретного генотипа определялся величиной энтропии (H, %). В процессе моделирования были использованы настройки: количество атрибутов – от 1 до n (где n – количество переменных в модели); анализ топ-моделей – 1000; воспроизводимость модели – 100; поиск конфигурации модели – всесторонний; метод сравнения – точный тест Фишера; классификация ячеек – неклассифицированные. Корректность модели оценивали по значению сбалансированной точности. Также вероятность отнесения образца к одной из групп рассчитывали с использованием логистической регрессии.

Результаты и обсуждение. Первый этап исследования заключался в биоинформатическом анализе потенциально информативных SNP [22], а также находящихся рядом SNP из перечня Axiom[®] Porcine Genotyping Array (Affymetrix©). Дополнительно исследовались SNP, для которых ранее была выявлена связь с локусами количественных признаков (Quantitative Trait Locus, QTL) [23]. Определение генотипа *in silico* для этих SNP было осуществлено с помощью программы GENIS для 248 животных вида *S. scrofa domesticus* [24].

Далее полученные результаты были проанализированы с применением ROC-кривых, определен параметр AUC (area under ROC curve) для каждого SNP. В итоге определены SNP с высоким дифференцирующим потенциалом. Для свиней породы йоркшир по результатам биоинформатического анализа значение асимптотической значимости AUC для SNP находилось в диапазоне $1,45 \cdot 10^{-4}$ – $5,36 \cdot 10^{-4}$ при значениях AUC = 0,747–0,852. Для свиней породы КБ для SNP значение AUC составило 0,694–0,828 ($p = 1,24 \cdot 10^{-5}$ – $2,26 \cdot 10^{-13}$). Для наиболее информативных из них проведены дополнительные молекулярно-генетические исследования с использованием технологии KASP.

Первоначально для пород йоркшир и КБ оценка совместного взаимодействия SNP проводилась в программе MDR v.3.0.2 с использованием результатов генотипирования *in silico*. В итоге был сформирован перечень из 10 SNP с наибольшим дифференцирующим потенциалом для анализируемых пород свиней (дюрок, ландрас, йоркшир, КБ, пьетрен). В дальнейшем для этих SNP определены генотипы 328 образцов, представленных породами дюрок, ландрас, йоркшир, БКБ и БМ. Повторный анализ с использованием метода многофакторного сокращения размерности позволил актуализировать величину энтропии H применительно к породам из Беларуси (рис. 2).

Для свиней породы йоркшир синергичный эффект средней выраженности показан для пары SNP rs80855833/rs81322965, для свиней породы БКБ – rs80789418/rs80967182, для свиней породы БМ – rs332196135/rs319844693 и rs80967182/rs81333725 (выраженный синергичный эффект), rs80855833/rs81322965 (синергичный эффект средней выраженности). Таким образом, для этих пар SNP совместный вклад в дифференциацию породы свиней превышает сумму значений H по отдельности. Наибольшим дифференцирующим потенциалом для свиней породы йоркшир обладают SNP rs319844693 (AUC = 0,895, 95%-й ДИ = [0,855–0,935], $p = 1,03 \cdot 10^{-25}$), rs81333725 (AUC = 0,741, 95%-й ДИ = [0,685–0,797], $p = 1,44 \cdot 10^{-10}$) и rs80855833 (AUC = 0,714, 95%-й ДИ = [0,652–0,776], $p = 1,31 \cdot 10^{-8}$). Также наибольший дифференцирующий потенциал для свиней породы БКБ был определен для SNP rs332196135 (AUC = 0,786, 95%-й ДИ = [0,714–0,858], $p = 1,66 \cdot 10^{-10}$), rs322056535 (AUC = 0,738, 95%-й ДИ = [0,674–0,801], $p = 1,12 \cdot 10^{-7}$), rs81322965

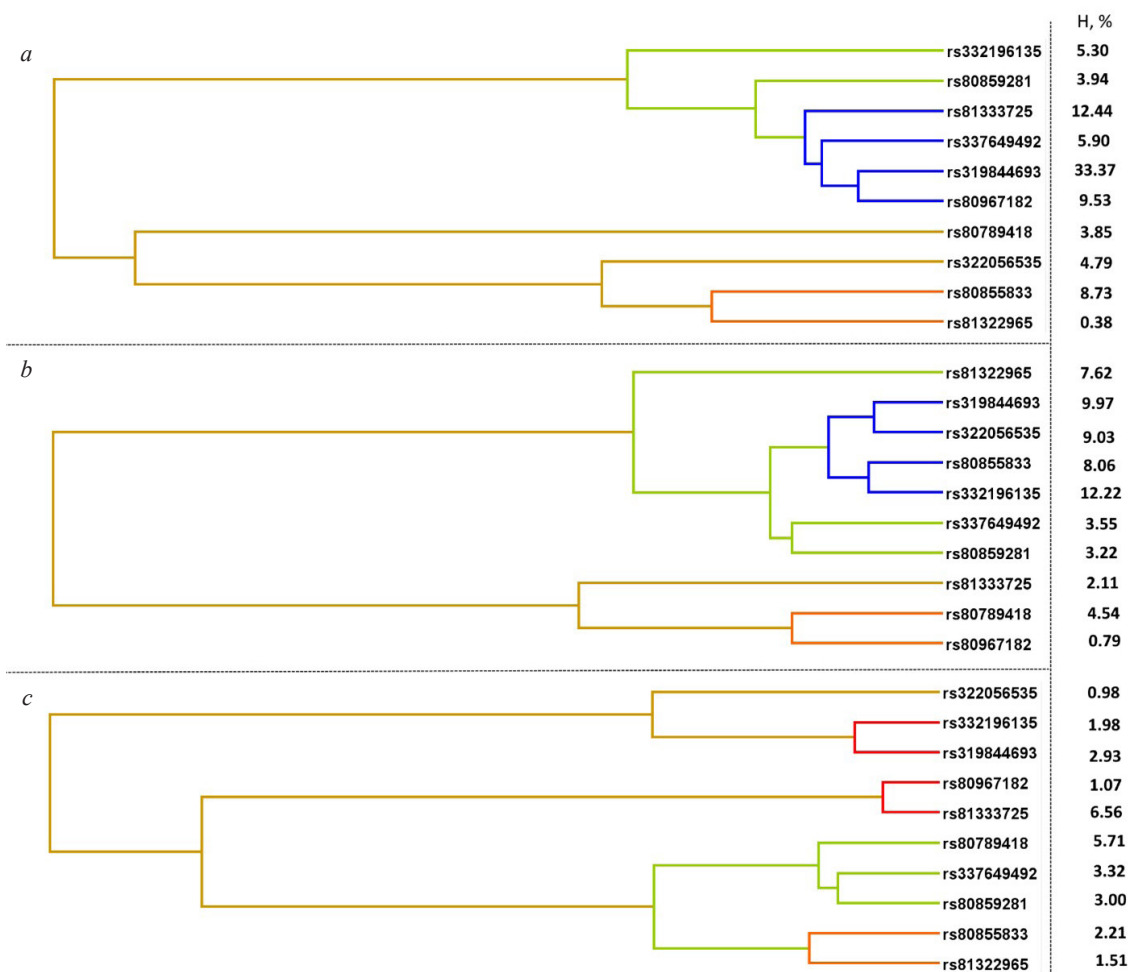


Рис. 2. Совокупный вклад нескольких SNP для дифференциации пород свиней йоркшир (a), БКБ (b) и БМ (c); рядом с номером SNP приведено значение энтропии H (красная линия – сильный синергичный эффект, оранжевая – слабый синергичный эффект, коричневая – эффект отсутствует, зеленая – слабый аддитивный эффект, синяя – сильный аддитивный эффект)

Fig. 2. Cumulative contribution of several SNPs for differentiation of Yorkshire (a), BLW (b) and BM (c) pig breeds; Next to the SNP number is the entropy value H (red line – strong synergistic effect, orange – weak synergistic effect, brown – no effect, green – weak additive effect, blue – strong additive effect)

(AUC = 0,737, 95%-й ДИ = [0,661–0,813], $p = 1,24 \cdot 10^{-7}$). Для свиней породы БМ наибольший дифференцирующий потенциал был выявлен для SNP rs80789418 (AUC = 0,707, 95%-й ДИ = [0,635–0,780], $p = 6,44 \cdot 10^{-6}$), rs81333725 (AUC = 0,693, 95%-й ДИ = [0,621–0,764], $p = 2,76 \cdot 10^{-5}$), rs319844693 (AUC = 0,633, 95%-й ДИ = [0,556–0,710], $p = 3,80 \cdot 10^{-3}$).

В выборке свиней породы йоркшир частота распространенности аллеля G для rs319844693 составила 79,2 %, для остальных пород она варьировалась в диапазоне 0,0–53,1 %; частота распространенности аллеля G для rs81333725 составила 10,4 %, для остальных пород – 21,8–97,8 %. Для rs80855833 в выборке свиней породы йоркшир аллель T встречается с частотой 80,5 %, в то время как в выборках пород ландрас и БМ – 14,5 и 54,3 % соответственно. В выборке породы БКБ распространенность аллеля G для rs332196135 составила 56,1 %, для остальных пород она варьировалась в диапазоне 0,0–39,0 %; частота распространенности аллеля G для rs322056535 составила 10,4 %, для остальных пород – 19,5–58,7 %. Для rs81322965 в выборке БКБ аллель G встречается с частотой 59,2 %, в то время как в выборках пород дюрок, ландрас, йоркшир и БМ – 41,3, 17,7, 26,0 и 28,3 % соответственно. В выборке БМ аллель A для rs80789418 был распространен с частотой 75,0 %, для выборок пород дюрок, йоркшир и БКБ – 12,0, 33,8 и 25,5 % соответственно; частота распространенности аллеля G для rs81333725 составила 63,0 %, для выборок пород

ландрас и йоркшир – 21,8 и 10,4 % соответственно. Для rs319844693 в выборке БМ аллель G встречается с частотой 13,0 %, в то время как в выборках пород йоркшир и БКБ – 79,2 и 53,1 % соответственно.

Точность дифференциации (Balanced accuracy) свиней породы йоркшир от других пород (дюрок, ландрас, БКБ и БМ) при анализе SNP rs80855833, rs81333725 и rs319844693 составила 93,65 % (специфичность модели, т. е. отношение числа истинно-отрицательных классификаций к общему числу отрицательных наблюдений, – 88,83 %, чувствительность, т. е. отношение числа истинно-положительных классификаций к общему числу положительных наблюдений, – 98,46 %); точность дифференциации свиней породы БКБ от других пород (дюрок, ландрас, йоркшир и БМ) при анализе SNP rs81322965, rs322056535 и rs332196135 составила 92,39 % (специфичность модели – 92,19 %, чувствительность – 92,59 %); точность дифференциации свиней породы БМ от других пород (дюрок, ландрас, йоркшир и БКБ) при анализе SNP rs80789418, rs81333725 и rs319844693 составила 82,46 % (специфичность модели – 87,50 %, чувствительность – 77,42 %). Графическая интерпретация моделей представлена на рис. 3.

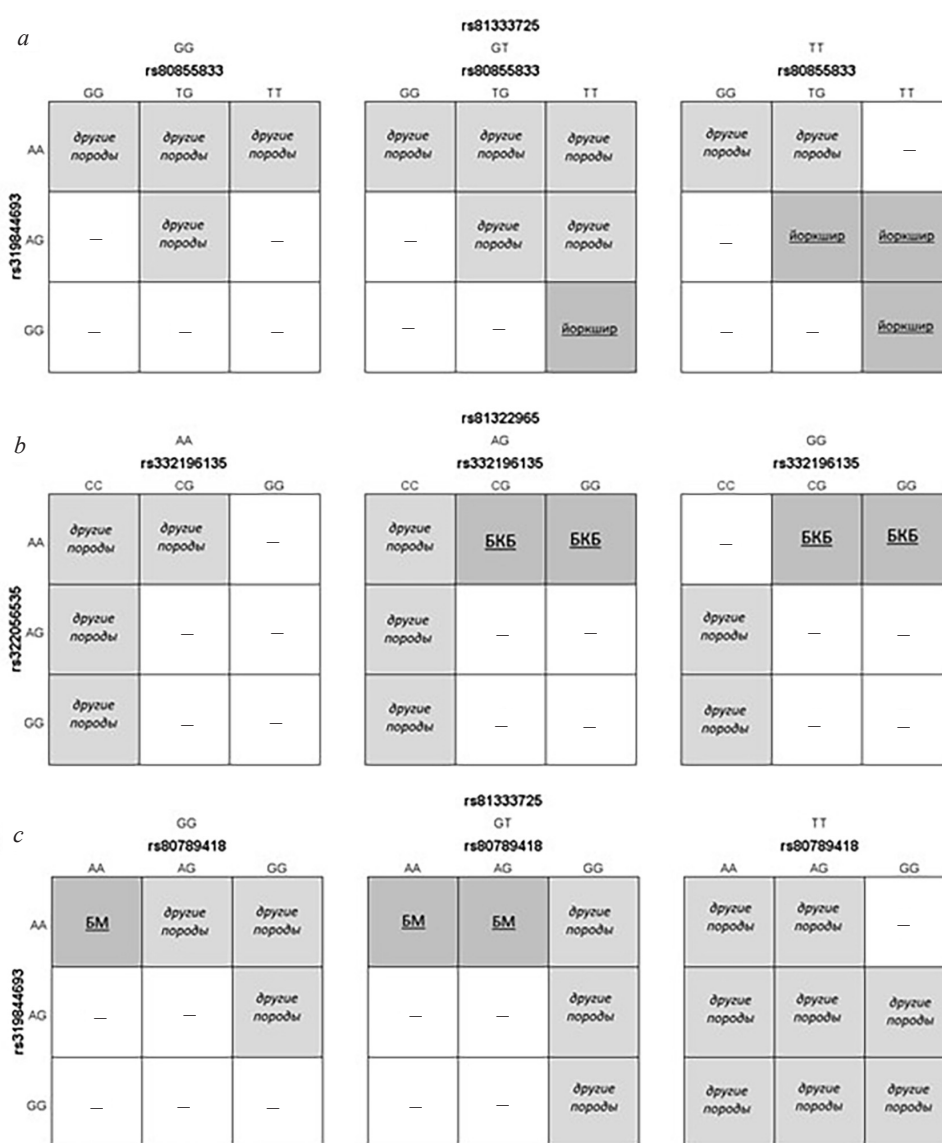


Рис. 3. Графическое представление моделей для дифференциации пород свиней (адаптировано из программы MDR v.3.0.2): *a* – йоркшир, *b* – БКБ, *c* – БМ

Fig. 3. Graphic representation of models for differentiation of pig breeds (adapted from the MDR v.3.0.2 program): *a* – Yorkshire, *b* – BKV, *c* – BM

Для свиней породы йоркшир наибольшие значения энтропии выявлены для rs319844693 (33,37 %), rs81333725 (12,44 %) и rs80855833 (8,73 %). При оценке точности отнесения образца к одной из двух групп («Йоркшир» или «Другие породы») с использованием логистической регрессии получены следующие результаты:

при наличии генотипов TT (rs81333725)/TT (rs80855833)/AG или GG (rs319844693) вероятность отнесения образца к группе «Йоркшир» составляет 82,03–86,88 % (в совокупности распространенность особей с данными генотипами в группе «Йоркшир» – 58,44 %);

при наличии генотипов GG (rs81333725)/TT, или TG, или GG (rs80855833)/AA (rs319844693) вероятность отнесения образца к группе «Другие породы» составляет 96,21–99,62 % (в совокупности встречаемость особей с данными генотипами в группе «Другие породы» – 30,28 %); при наличии генотипов GT (rs81333725)/TT, или TG, или GG (rs80855833)/AA или AG (rs319844693) – 86,33–98,50 % (распространенность особей – 26,69 %); при наличии генотипов TT (rs81333725)/GG или TG (rs80855833)/AA (rs319844693) – 91,86–94,24 % (распространенность особей – 27,09 %);

в 7,32 % случаев особей не удалось отнести ни к одному кластеру с заявленным в программе MDR v.3.0.2 уровнем точности в 95,0 %.

Для свиней породы БКБ наибольшие значения энтропии определены для rs332196135 (12,22 %), rs322056535 (9,03 %) и rs81322965 (7,62 %). При оценке точности отнесения образца к одной из двух групп («БКБ» или «Другие породы») с использованием логистической регрессии получены следующие данные:

при наличии генотипов AG или GG (rs81322965)/GG или CG (rs332196135)/AA (rs322056535) вероятность отнесения образца к группе «БКБ» составляет 66,21–87,39 % (в совокупности встречаемость особей с данными генотипами в группе «Другие породы» – 51,02 %);

при наличии генотипа AA (rs81322965)/CC или CG (rs332196135)/AA, или AG, или GG (rs322056535) вероятность отнесения образца к группе «Другие породы» составляет 86,16–99,74 % (в совокупности распространенность особей с данными генотипами в группе «Другие породы» – 51,24 %); при наличии генотипов AG (rs81322965)/CC (rs332196135)/AA, или AG, или GG (rs322056535) – 85,87–99,08 % (распространенность особей – 25,09 %); при наличии генотипов GG (rs81322965)/CC (rs332196135)/AG или GG (rs322056535) – 87,84–96,81 % (встречаемость особей – 9,32 %);

в 15,55 % случаев особей не удалось отнести ни к одному кластеру с заявленным в программе MDR v.3.0.2 уровнем точности в 95,0 %.

Для свиней породы БМ наибольшие значения энтропии рассчитаны для rs81333725 (6,56 %), rs80789418 (5,71 %) и rs319844693 (2,93 %). При оценке точности отнесения образца к одной из двух групп («БМ» или «Другие породы») с использованием логистической регрессии получены следующие значения:

при наличии генотипов GG (rs81333725)/AA (rs80789418)/AA (rs319844693) вероятность отнесения образца к группе «БМ» составляет 79,81 % (в совокупности распространенность особей с данными генотипами в группе «БМ» – 17,39 %); при наличии генотипов GT (rs81333725)/AA или AG (rs80789418)/AA (rs319844693) – 78,23–89,26 % (встречаемость особей – 34,78 %);

при наличии генотипов GG (rs81333725)/GG (rs80789418)/AA или AG (rs319844693) вероятность отнесения образца к группе «Другие породы» составляет 89,00–92,75 % (в совокупности распространенность особей с данными генотипами в группе «Другие породы» – 13,12 %); при наличии генотипов GT (rs81333725)/GG (rs80789418)/AA, или AG, или GG (rs319844693) – 95,75–98,26 % (распространенность особей – 8,15 %); при наличии генотипов TT (rs81333725)/AA, или AG, или GG (rs80789418)/AA, или AG, или GG (rs319844693) – 83,90–99,37 % (встречаемость особей – 53,19 %);

в 11,28 % случаев особей не удалось отнести ни к одному кластеру с заявленным в программе MDR v.3.0.2 уровнем точности в 95,0 %.

В результате моделирования выявлены свиньи с генетическим профилем, не совпадающим с тем, который характерен для них на основании предложенных тест-систем. Например, свиньи с генотипами GT (rs81333725)/TT (rs80855833)/GG (rs319844693) согласно тест-системе, разработанной для йоркшира, отнесены к породе БКБ, а с генотипами TT (rs81333725)/TG или

ТТ (rs80855833)/AG или GG (rs319844693) – к породам БКБ (15 шт.) и ландрас (5 шт.). Аналогичная ситуация наблюдается для свиней с генотипами AG или GG (rs81322965)/CG или GG (rs332196135)/AA (rs322056535), которые, согласно тест-системе для БКБ, должны быть отнесены к данной породе, а по факту являются представителями пород БМ (5 шт.), йоркшир (9 шт.) и ландрас (1 шт.). Соответственно, и свиньи с генотипами GG (81333725)/AA (rs80789418)/AA (rs319844693) отнесены к породе ландрас (5 шт.), а, согласно предложенной тест-системе, должны быть идентифицированы как БМ. Первоначально, на этапе биоинформатического анализа, специфичные SNP отбирались для пород дюрок, ландрас, крупная белая, мейшань, пьетрен и йоркшир, которые были представлены в NCBI-SRA. Такие породы свиней, как БКБ или БМ, отсутствовали на начальном биоинформатическом этапе, а для белорусских пород дюрок, ландрас, йоркшир существуют свои локальные особенности, обусловленные селекционными процессами. Полученные нами результаты подтверждают данные факты и объясняют отсутствие полной конкордантности между результатами биоинформатического и молекулярно-генетического анализа. В этой связи сделанные нами выводы и разработанные тест-системы для свиней пород йоркшир белорусской селекции, БКБ и БМ являются важным заделом для продолжения исследований в этой области, так как позволяют определить регионы в геноме *S. scrofa domesticus*, на которых следует сосредоточить внимание и провести дополнительный этап секвенирования.

Ранее нами были проведены аналогичные исследования для свиней пород дюрок [25–27] и ландрас [28, 29]. Полученные результаты могут использоваться при отборе животных по породной принадлежности для селекции и определения чистопородности в спорных случаях.

Заключение. На основании проведенных биоинформатического и молекулярно-генетического исследований разработаны тест-системы для дифференциации свиней пород йоркшир, БКБ и БМ между собой, а также по отношению к породам ландрас и дюрок, разводимым в Беларуси. По данным молекулярно-генетического анализа сформированы тест-системы, каждая из которых включала три SNP: для йоркшира – rs81333725 (AX-116346555, Chr.8:47482649G>T), rs80855833 (AX-116581153, Chr.17:15827832G>T), rs319844693 (AX-116406049, Chr.10:30081932A>G); для БКБ – rs81322965 (AX-116298633, Chr.6:121005974A>G), rs332196135 (AX-116218162, Chr.3:118879246C>G), rs322056535 (AX-116735790, Chr.7:52269732A>G); для БМ – rs81333725 (AX-116346555, Chr.8:47482649G>T), rs80789418 (AX-116379068, Chr.9:48882095A>G), rs319844693 (AX-116406049, Chr.10:30081932A>G). Сбалансированная точность тест-систем при уровне значимости $p < 0,05$ составляет 82,46–93,65 %.

Результаты исследования отличаются высокой оригинальностью, а также доказывают применимость используемого приема по генотипированию *in silico* для поиска и отбора значимых полиморфизмов для дифференциации пород свиней.

Все применимые международные, национальные и/или институциональные принципы ухода и использования животных были соблюдены.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Благодарности. Молекулярно-генетические исследования выполнены в рамках ГПНИ «Биотехнологии-2», подпрограмма «Геномика, эпигеномика, биоинформатика» на 2021–2025 гг., задание «Разработка системы генетического анализа для определения чистопородности свиней на основе изучения SNP-локусов» (2021–2023 гг., рег. № 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., B23-060, рег. № 20231076).

Acknowledgements. Molecular genetic studies were carried out within the framework of the State Scientific Research Institute “Biotechnology-2”, subprogram “Genomics, epigenomics, bioinformatics” for 2021–2025, task “Development of a genetic analysis system for determining the purebred of pigs based on the study of SNP loci” (2021–2023, reg. No. 20210339).

The GENIS software was developed as part of the research project “Bioinformatics approach to analyzing whole-genome sequencing data on a search for single-nucleotide substitutions that can differentiate closely related biological species” (BRFFR, 2023–2025, B23-060, reg. No. 20231076).

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННЫХ ИСТОЧНИКОВ

1. Dekkers, J. C. M. Marker-assisted selection for commercial crossbred performance / J. C. M. Dekkers // *Journal of Animal Science*. – 2007. – Vol. 85, N 9. – P. 2104–2114. <https://doi.org/10.2527/jas.2006-683>
2. A genome-wide association study for a proxy of intermuscular fat level in the Italian Large White breed identifies genomic regions affecting an important quality parameter for dry-cured hams / L. Fontanesi, G. Schiavo, G. Galimberti [et al.] // *Animal Genetics*. – 2017. – Vol. 48, N 4. – P. 459–465. <https://doi.org/10.1111/age.12542>
3. PorcineSNP60 DNA Analysis Kit v3. – URL: <https://www.illumina.com/products/by-type/microarray-kits/porcine-snp60.html> (date of access: 30.06.2024).
4. 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>
5. 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>
6. 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>
7. Genome-wide study on intramuscular fat in Italian Large White pig breed using the PorcineSNP60 BeadChip / R. Davoli, D. Luise, V. Mingazzini, P. [et al.] // *Journal of Animal Breeding and Genetics*. – 2016. – Vol. 133, N 4. – P. 277–282. <https://doi.org/10.1111/jbg.12189>
8. 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. – P. e0117468. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0117468>
9. 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>
10. 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. – P. e55951. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0055951>
11. Development of a genetic tool for product regulation in the diverse British pig breed market / S. Wilkinson, A. L. Archibald, C. S. Haley [et al.] // *BMC Genomics*. – 2012. – Vol. 13. – Art. 580. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-13-580>
12. Using SNP array data to test for host genetic and breed effects on Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome Viremia / S. Biffani, S. Botti, S. C. Bishop [et al.] // *BMC Proceedings*. – 2011. – Vol. 5, Suppl 4. – Art. S28. <https://doi.org/10.1186/1753-6561-5-s4-s28>
13. 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>
14. 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, N 1. – Art. 42. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-43-42>
15. 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>
16. Investigations on the pattern of linkage disequilibrium and selection signatures in the genomes of German Piétrain pigs / P. Stratz, K. Wimmers, T. H. E. Meuwissen, J. Bennewitz // *Journal of Animal Breeding and Genetics*. – 2014. – Vol. 131, N 6. – P. 473–482. <https://doi.org/10.1111/jbg.12107>
17. Roberts, K. S. Relationships among and variation within rare breeds of swine / K. S. Roberts, W. R. Lamberson // *Journal of Animal Science*. – 2015. – Vol. 93, N 8. – P. 3810–3813. <https://doi.org/10.2527/jas.2015-9001>
18. 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.
19. 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. – С. 36–51.
20. Sequence Read Archive (SRA). – URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra> (date of access: 20.06.2024).
21. 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.] // *The American Journal of Human Genetics*. – 2001. – Vol. 69, N 1. – P. 138–147. <https://doi.org/10.1086/321276>
22. Analysis of HEPH Gene Polymorphism on the X Chromosome for Identification of Wild Boar and Domestic Pig / V. N. Kipen, E. V. Ivanova, E. V. Snytkov, A. N. Verchuk // *Russian Journal of Genetics*. – 2020. – Vol. 56, N 9. – P. 1099–1108. <https://doi.org/10.1134/s1022795420080062>
23. Building Applied Genomic Capacity for Animal Industries. – URL: <https://www.animalgenome.org> (date of access: 20.06.2024).
24. 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.
25. Дифференциация пород свиней с использованием технологии KASP – тест-система для породы дюрюк / В. Н. Кипень, Е. В. Снытков, М. Е. Михайлова, Р. И. Шейко // *Молекулярная и прикладная генетика*. – 2024. – Т. 36. – С. 114–122.

26. 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.

27. Кипень, В. Н. Моделирование панели породоспецифичных SNP-маркеров для определения чистопородности домашних свиней породы дюрок / В. Н. Кипень // Биотехнология: достижения и перспективы развития: сб. материалов II междунар. науч.-практ. конф., Пинск, 7–8 дек. 2017 г. / Полес. гос. ун-т. – Пинск, 2017. – С. 63–65.

28. Котова, С. А. Моделирование панели породоспецифичных SNP-маркеров для генотипирования домашних свиней породы ландрас с использованием MDR-анализа / С. А. Котова, В. Н. Кипень // Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных БиоТехЖ – 2016: материалы 11-й Всерос. конф.-шк. ученых с междунар. участием, п. Дубровицы, 13–16 дек. 2016 г. / Всерос. науч.-исслед. ин-т животноводства им. акад. Л. К. Эрнста. – п. Дубровицы, 2016. – С. 86–91.

29. Биоинформатический анализ геномов домашних свиней – породоспецифичные SNP для пород ландрас и пьетрен / Е. В. Снытков, В. Н. Кипень, М. Е. Михайлова [и др.] // Генетические проблемы в популяциях: материалы Науч. конф. с междунар. участием, посвящ. 50-летию юбилею лаборатории популяц. генетики им. Ю. П. Алтухова ИОГен РАН и 85-летию со дня рождения акад. Юрия Петровича Алтухова, Москва, 11–14 нояб. 2022 г. / Ин-т общей генетики им. Н. И. Вавилова РАН; ред.: Д. В. Политов [и др.]. – М., 2022. – С. 56.

References

1. Dekkers J. C. M. Marker-assisted selection for commercial crossbred performance. *Journal of Animal Science*, 2007, vol. 85, no. 9, pp. 2104–2114. <https://doi.org/10.2527/jas.2006-683>
2. Fontanesi L., Schiavo G., Galimberti G., Bovo S., Russo V., Gallo M., Buttazzoni L. A genome-wide association study for a proxy of intermuscular fat level in the Italian Large White breed identifies genomic regions affecting an important quality parameter for dry-cured hams. *Animal genetics*, 2017, vol. 48, no. 4, pp. 459–465. <https://doi.org/10.1111/age.12542>
3. *PorcineSNP60 DNA Analysis Kit v3*. Available at: <https://www.illumina.com/products/by-type/microarray-kits/porcine-snp60.html> (accessed 30.06.2024).
4. 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>
5. 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>
6. Zanella R., Peixoto J. O., Cardoso F. F., Cardoso L. L., Biegelmeyer P., Cantão M. E., Otaviano A., Freitas M. S., 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>
7. 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>
8. 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, p. e0117468. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0117468>
9. 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>
10. 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, p. e55951. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0055951>
11. Wilkinson S., Archibald A. L., Haley C. S., Megens H.-J., Crooijmans R., Groenen M., Wiener P., Ogden R. Development of a genetic tool for product regulation in the diverse British pig breed market. *BMC Genomics*, 2012, vol. 13, art. 580. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-13-580>
12. Biffani S., Botti S., Bishop S. C., Stella A., Giuffra E. Using SNP array data to test for host genetic and breed effects on Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome Viremia. *BMC Proceedings*, 2011, vol. 5, suppl. 4, art. S28. <https://doi.org/10.1186/1753-6561-5-s4-s28>
13. 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>
14. 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, no. 1, art. 42. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-43-42>
15. 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>
16. Stratz P., Wimmers K., Meuwissen T. H. E., Bennewitz J. Investigations on the pattern of linkage disequilibrium and selection signatures in the genomes of German Pietrain pigs. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 2014, vol. 131, no. 6, pp. 473–482. <https://doi.org/10.1111/jbg.12107>
17. Roberts K. S., Lamberson W. R. Relationships among and variation within rare breeds of swine. *Journal of Animal Science*, 2015, vol. 93, no. 8, pp. 3810–3813. <https://doi.org/10.2527/jas.2015-9001>

18. Kipen' V. N., Ryabtseva A. O., Kotova S. A., Zhurina N. V., Gandzha A. I., Tsybovskii I. S. Polymorphism analysis of MC1R and NR6A1 genes to evaluate the level of introgression of domestic swine (*Sus scrofa domestica*) genes in wild boar (*Sus scrofa scrofa*) population. *Molekulyarnaya i prikladnaya genetika* [Molecular and applied genetics], 2019, vol. 26, pp. 83–95 (in Russian).
19. Kipen' V. N., Snytkov E. V. GENIS – methodological approach for *in silico* genotyping (validation on *Sus scrofa* sequencing results). *Matematicheskaya biologiya i bioinformatika = Mathematical Biology and Bioinformatics*, 2024, vol. 19, no. 1, pp. 36–51 (in Russian).
20. *Sequence Read Archive (SRA)*. Available at: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra> (accessed 20.06.2024).
21. 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>
22. Kipen' V. N., Ivanova E. I., Snytkov E. V., Verchuk A. N. Analysis of HEPH Gene Polymorphism on the X Chromosome for Identification of Wild Boar and Domestic Pig. *Russian Journal of Genetics*, 2020, vol. 56, no. 9, pp. 1099–1108. <https://doi.org/10.1134/s1022795420080062>
23. *Building Applied Genomic Capacity for Animal Industries*. Available at: <https://www.animalgenome.org> (accessed 20.06.2024).
24. Kipen' V. N., Snytkov E. V., Mikhailova M. E., Sheiko R. I. Breed differentiation of domestic pigs using SNP – extended bioinformatical analysis. *Doklady Natsional'noi akademii nauk Belarusi = Reports of the National Academy of Sciences of Belarus*, 2022, vol. 66, no. 3, pp. 301–309 (in Russian).
25. Kipen' V. N., Snytkov E. V., Mikhailova M. E., Sheiko R. I. Differentiation of pig breeds using KASP technology – test-system for duroc. *Molekulyarnaya i prikladnaya genetika* [Molecular and applied genetics], 2024, vol. 36, pp. 114–122 (in Russian).
26. Kipen' V. N., Mikhailova M. E., Snytkov E. V., Sheiko R. I. Analysis of KDM3A and DBX2 gene polymorphism for differentiation of *Sus scrofa domestica* duroc pigs. *Doklady Natsional'noi akademii nauk Belarusi = Reports of the National Academy of Sciences of Belarus*, 2023, vol. 67, no. 2, pp. 119–125 (in Russian).
27. Kipen' V. N. Modelirovanie paneli porodospetsifichnykh SNP-markerov dlya opredeleniya chistoporodnosti domashnih svinej porody dyuroc. *Biotekhnologiya: dostizheniya i perspektivy razvitiya: sbornik materialov II mezhdunarodnoi nauchno-prakticheskoi konferentsii, Pinsk, 7–8 dekabrya 2017 goda* [Biotechnology: achievements and development prospects: collection of materials of the II international scientific and practical conference, Pinsk, December 7–8, 2017]. Pinsk, 2017, pp. 63–65 (in Russian).
28. Kotova S. A., Kipen' V. N. Modelirovanie paneli porodospetsifichnykh SNP-markerov dlya genotipirovaniya domashnih svinej porody landras s ispol'zovaniem MDR-analiza. *Sovremennye dostizheniya i problemy biotekhnologii sel'skokhozyaistvennykh zhivotnykh BioTehZh – 2016: materialy 11-i Vserossiiskoi konferentsii-shkoly uchenykh s mezhdunarodnym uchastiem, poselok Dubrovitsy, 13–16 dekabrya 2016 goda* [Modern achievements and problems of biotechnology of agricultural animals BioTechZh – 2016: materials of the 11th All-Russian conference-school of scientists with international participation, Dubrovitsy settlement, December 13–16, 2016]. Dubrovitsy, 2016, pp. 86–91 (in Russian).
29. Snytkov E. V., Kipen' V. N., Mikhailova M. E., Belyak O. A., Romanishko E. L., Sheiko R. I. Bioinformaticheskij analiz genomov domashnih svinej – porodospetsifichnye SNP dlya porod landras i p'etren. *Geneticheskie problemy v populyatsiyakh: materialy Nauchnoi konferentsii s mezhdunarodnym uchastiem, posvyashchennoi 50-letnemu yubileyu laboratorii populyatsionnoi genetiki imeni Yu. P. Altukhova IOGen RAN i 85-letiyu so dnya rozhdeniya akademika Yuriya Petrovicha Altukhova, 11–14 noyabrya 2022 goda* [Genetic Problems in Populations: Proceedings of the Scientific Conference with International Participation Dedicated to the 50th Anniversary of the Yu. P. Altukhov Laboratory of Population Genetics, Institute of Genetics of the Russian Academy of Sciences and the 85th Anniversary of the Birth of Academician Yuri Petrovich Altukhov, November 11–14, 2022]. Moscow, 2022, p. 56 (in Russian).

Информация об авторах

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

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

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

Information about the authors

Vyacheslav N. Kipen' – Ph. D. (Biol.), 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

Evgenij V. Snytkov – 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

Mariya E. Mikhailova – Ph. D. (Biol.), Associate Professor, Head of 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