

УДК 636.4.082.26:575.113

doi 10.37143/0371-4365-2022-77-78-02

ГАПЛОГРУПА СУЧАСНИХ ЛІНІЙ ГІБРИДНИХ СВИНЕЙ**Є. О. Будаква, К. Ф. Почерняєв, С. Ф. Лобченко, Т. М. Боржак***Інститут свинарства і агропромислового виробництва НААН**вул. Шведська Могила 1, м. Полтава, Україна, 36013*

Мета. Дослідження було проведено з метою охарактеризувати генетичну різноманітність гібридних свиней (велика біла×ландрас)×Махгро в Україні. **Методи.** Виділення ДНК проведено із зразків щетини з використанням іонообмінної смоли Chelex-100 та епітеліальної тканини з вуха свиней сорбентним методом. **Результати.** Представлено результати ДНК-типуювання гібридних свиней (велика біла×ландрас)×Махгро від ТОВ НВП «Глобинський свинокомплекс». За допомогою ПЛР-ПДРФ аналізу поліморфізму ділянки D-петлі було визначено 7 мітохондріальних гаплотипів – N, C, O, G, D, E, K. У досліджуваній вибірці свиней (n=50) визначена концентрація гаплотипів у відсотковому співвідношенні. Встановлено, що виявлені мітохондріальні гаплотипи C (24 %) – є характерним для свиней породи ландрас, гемпшир, уельс, дика свиня (Україна, Польща, Франція); гаплотип O (12 %) – притаманний дикій свині та породі ландрас (Швеція); гаплотип G (12 %) – властивий для породи уельс, дика свиня (Італія, Франція); гаплотип N (28 %) характерний для великої білої породи свиней, представники є носіями азійського типу. Варто відмітити, що азійський гаплотип N властивий для азійської дикої свині та породи беркшир. Представлені дані з гібридизації мітохондріального геномів азійського та європейського походження - є основою створення сучасних ліній гібридних свиней по материнській лінії. Гаплотип N відноситься до гаплогрупи A(D), а гаплотипи C, O, G відносяться до гаплогрупи E. Цілком невиключено, що гаплотипи D (10 %), E (8 %), K (6 %) відносяться до гаплогрупи A(D). Згідно отриманих результатів, гаплогрупа E у гібридних свиней є домінуючою, однак, саме гаплогрупа A є попередником гаплогрупи E. Ми припускаємо думки, що свині великої білої породи з гаплотипом N, D, E, K – містять аборигенні генетичні ресурси. Свині з гаплотипом D, E, K – є результатом гібридизації з європейськими дикими кабанами. З часом це призвело до майже повного зникнення первинних близькосхідних предків у ядерних геномах європейських одомашнених свиней. Припущення, що традиційне сезонне скотарство, щорічні далекі міграції, що мали місце у минулому та комерційна торгівля нуклеусами пояснюють спостерігаючи закономірність сприятливого потоку генів серед гібридних свиней. **Висновки.** Отримані результати в процесі дослідження

Будаква Єлизавета Олександрівна, аспірантка, лаб. генетики,

e-mail: budakvayelyzaveta@gmail.com<https://orcid.org/0000-0001-5941-1953>

Почерняєв Костянтин Федорович, д. с.-г. н., заст. директора з науково-виробничої і фінансової діяльності,

e-mail: k.f.pochernyaev@gmail.com,<https://orcid.org/0000-0001-9973-6429>

Лобченко Світлана Федорівна, к. с.-г. н., зав. лаб. фізіології відтворення,

e-mail: svitlife@ukr.net<https://orcid.org/0000-0001-9469-6202>

Боржак Тетяна Миколаївна, н. с. лаб. наукових досліджень з питань інтелектуальної власності та маркетингу інновацій,

e-mail: tanja96753@gmail.com<https://orcid.org/0000-0002-8780-9026>

мітохондріального геному гібридних свиней покращили розуміння матрілінійного походження та філогеографічної моделі розподілу генетичного різноманіття транскордонних порід свиней (велика біла×ландрас)×Махгро в Україні. Ми дійшли висновку, що природний відбір діє дуже слабо щодо одонуклеотидного поліморфізму, який призвів до формування гаплогрупи транскордонних порід свиней, які зустрічається сьогодні. Робота виконана за підтримки Національної академії аграрних наук України 31.01.00.07.Ф. «Дослідити плейотропний ефект генів, SNP яких використовують в маркер-асоційованій селекції свиней». ДР №0121U109838.

Ключові слова: гібридні свині, (велика біла×ландрас)×Махгро, мтДНК, D-петля, гаплотип, гаплогрупа, ПЛР-ПДРФ.

Вступ. Аналіз мітохондріальної ДНК (мтДНК) є генетичним інструментом для оцінки походження по материнській лінії, філогенії та структури популяції одомашнених представників *Sus scrofa* [1]. Як правило, дослідження генетичних відстаней між породами через величезні мутації на основі генетичних варіантів мітохондріального геному зосереджено на вивченні варіабельної ділянки D-петля [1–3]. Дослідження мітохондріального геному необхідне для оцінки генетичних зв'язків між породами, характеристики міжвидової специфіки та ідентифікації окремих досліджуваних особин. Дослідження мітохондріального геному може пояснити та забезпечити додаткову інформацію для оцінки відмінностей між європейськими, азіатськими та промисловими породами свиней на основі їх спорідненості. Час від розходження предкових форм оцінюється приблизно в 500 000 років, задовго до одомашнення приблизно 9 000 років тому. Одомашнена свиня походить від євразійської дикої свині (*Sus scrofa*). Вченими отримано чіткі докази того, що одомашнення відбулося незалежно від підвидів диких свиней у Європі та Азії. Азіатські свині були завезені в Європу в 18 на початку 19 століття [4–5]. Проведені дослідження вченими показали, що дані вказують на гібридне походження «європейських» порід свиней. Гібридизація широко поширена в природі і є цінним інструментом розведення. Генетична інтрогресія може призвести до передачі корисних алелей [6]. Все більше доказів свідчить про значну роль інтрогресії в покращенні одомашнених порід свиней [7–8]. Для вивчення історії філогенезу по материнській лінії необхідно визначити групу подібних гаплотипів. Як правило, група подібних мітохондріальних гаплотипів утворює гаплогрупу. Термін «гаплогрупа» широко використовується в генетичній генеалогії - наука, яка вивчає генетичну історію розведення з використанням мітохондріальної ДНК (мтДНК). Генетичні маркери мтДНК передаються виключно по материнській лінії (від матері до всіх нащадків).

У молодших популяціях виявлено не всі алелі, які були в предковій формі попередніх популяцій. Це свідчить про наявність генетичного дрейфу, який призводить до зникнення певних алелів у молодій популяції. З огляду на це, інтерес даного дослідження полягав у визначенні генетичної різноманітності свиней транскордонних порід та встановленні гаплогрупи.

Метою дослідження було визначення генетичного різноманіття транскордонних свиней (велика біла×ландрас)×Махгро. Визначити концентрацію гаплотипів і гаплогрупи у популяції гібридних свиней.

Матеріали та методи досліджень. Виділення ДНК проведено із зразків щетини вуха свиней з використанням іонообмінної смоли Chelex-100 [9], а також з епітеліальної тканини вуха свиней. Екстракцію ДНК з епітеліальної тканини проведено за допомогою набору для екстракції нуклеїнових кислот

«DNA sorb-B». Екстракцію ДНК проведено згідно з протоколом виробника ТОВ «ІнтерЛабСервісУкраїна». Усі ДНК-зразки з щетини та епітеліальної тканини були піддані ПЛР-ампліфікації. Лабораторні дослідження проводяться в лабораторії генетики Інституту свинарства і агропромислового виробництва НААН. Найбільш варіабельною ділянкою мітохондріального геному є некодуєча область D-петля. Аналізу підлягають ділянки D-петлі мітохондріального геному свині розміром 428 пар нуклеотид. Генотипування та ПЛР-ампліфікацію досліджуваних зразків проводили згідно методичних рекомендацій [10], з власними модифікаціями підбору термодинамічних характеристик ПЛР, дотримуючись оптимальної концентрації і довжини 2 % агарозного та 8 % поліакриламідного гелів для розділення фрагментів рестрикції описаних у таблицях 1–3.

Таблиця 1. Схема ампліфікації мітохондріального геному свині – ПЛР

Компоненти:	Концентрація	Реакційна концентрація на 25 мкл	Реакційний об'єм на 50 проб	Умови ампліфікації
Тақ буфер ПЛР	10x	1,25	62,5	t відпалу
dNTP	20 мМ	1,25	62,5	63°C
MgCl ₂	25 мМ	1	50	Час (год./хв)
MITPRO 2F	10пкМ/мкл	0,25	12,5	1год.30хв.
MITPRO R	10пкМ/мкл	0,25	12,5	95°C-5хв;
Тақ полімераза	5 од.акт/мкл	0,5	25	35 циклів:
ДНК	10x	5	225:50=4,5 мкл	94°C-40с.;
деонізована Н ₂ О		10	235(4,7 мкл)	63°C-40с.;
				72°C-40с.;
				72°C-5хв.;
				4°C.

У ПЛР досліджені були використані універсальні пари праймерів, структура яких наведена у таблиці 2.

Таблиця 2. Структура олігонуклеотидних праймерів для ампліфікації мітохондріальної ДНК свині

ДНК	Праймер	Послідовність (структура)	NCBI GenBank: AM040651.1
D-петля	MITPRO 2F	CATACAATATGTGACCCCAAA	Розмір продукту, п.н. 428 п.н.
	MITPRO R	G TGAGCATGGGCTGATTAGTC	

Якість ампліконів продукту ПЛР оцінювали у 2 % агарозному гелі з використанням маркера молекулярної маси 1 kb DNA Ladder (Thermo Scientific™) після витримували агарозний гель у бромистому етидії протягом 4–7 хвилин. Промивали гель дистильованою водою та документували результати електрофорезу цифровою камерою на транслюмінаторі (MicroDOC Gel Documentation Digital camera with UV Transilluminator, Cleaver Scientific) (рис.1).

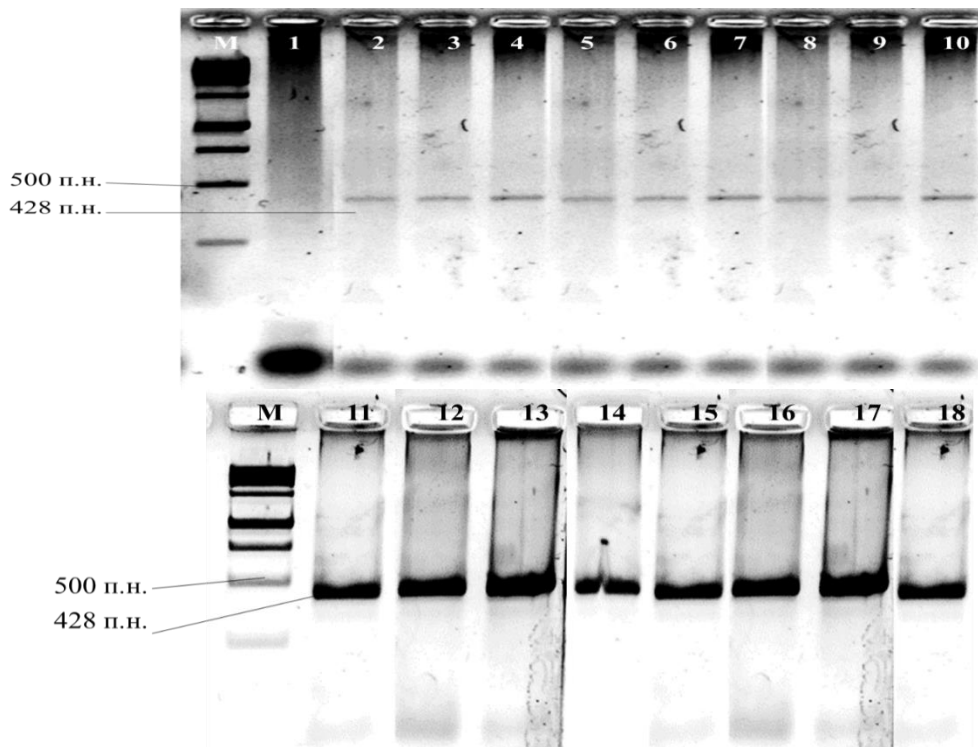


Рис. 1. Ампліфікована у ПЛР мтДНК свиней (велика біла×ландрас)×Махgro з парою олігонуклеотидних праймерів MITPRO2F та MITPROR розміром продукту ПЛР 428 п.н., фракціонованих у 2 % агарозному гелі. Маркер молекулярної маси 1 kb DNA Ladder

Усі компоненти буфера були зібрані в окремі пробірки для рестрикції та ендонуклеази *TasI* (Thermo Scientific™), за винятком продукту ПЛР, згідно схеми представленої в таблиці 3. Ендонуклеаза, яка була використана у дослідженні, сайти пізнавання, чутливість до метилювання та температурні умови її використання також наведено в таблиці 3. У разі необхідності пробірки з гідролізованими продуктами ПЛР зберігались за температури – 20°C.

Таблиця 3. Схема збору компонентів реакції гідролізу продуктів ПЛР

№	Компонент	Концентрація розчину компонента	Об'єм в см ³ на 1 пробу	Об'єм в мкл для 50 зразків
1	Буфер для гідролізу	10 ×	0,002	100
2	H ₂ O		0,018	150
3	Ендонуклеаза <i>TasI</i>	10 активних одиниць, 0,0001 см ³	0,001	5
4	Ампліфікат			4
Робоча суміш компонентів 5,1 мкл на 1 пробу				
Компонент робочої суміші 188,7 мкл на 1 пробу				
Ендонуклеаза	Склад реакційного буфера ×1	Сайт розпізнавання	Температурний режим	
<i>TasI</i> (Tsp EI)	10mM Tris - HCl (pH 7,5), 10mM MgCl ₂ , 0,1 mcg / cm ³ BSA	↓AATT	+65°C	

Продукти гідролізу ДНК аналізували у 8 % ПААГ в 1х трисборатному буфері при інтенсивності струму (5В/см) на довжину геля. У якості маркера молекулярної маси були використані ДНК-плазмиди *pUC19* ДНК/*MspI* та *pBR322* ДНК/*MspI*. Візуалізацію продуктів рестрикції проводили шляхом фарбування бромістим етидієм та візуалізацією на транслюмінаторі в УФ-світлі. При необхідності пробірки з продуктами ПЛР зберігали при -20°C (рис. 2, 3).

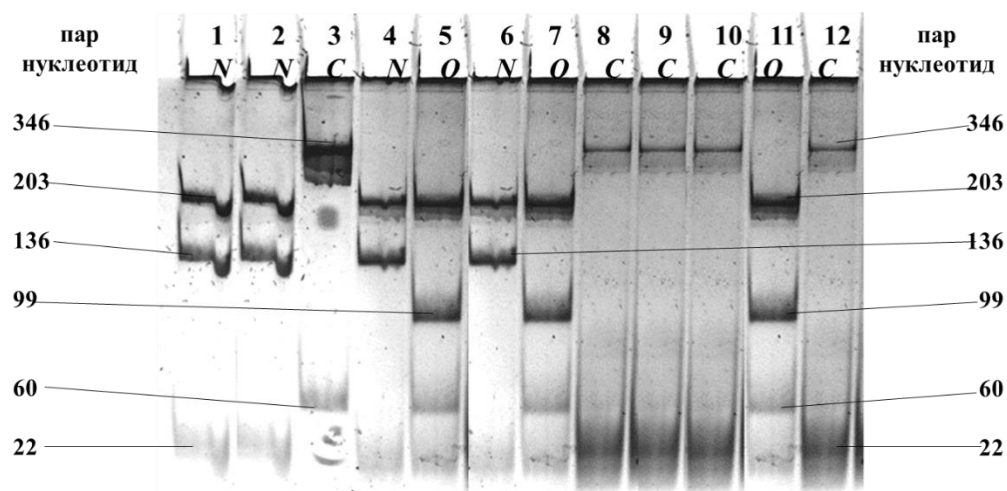


Рис. 2. Результат електрофорезного фракціонування у 8 % ПААГ, ампліфікованої ПЛР та гідролізованої за допомогою ендонуклеази *Tas I* мітохондріальної ДНК свиней (велика біла×ландрас)×Махgro: М — маркер молекулярної маси ДНК *pUC19/MspI*

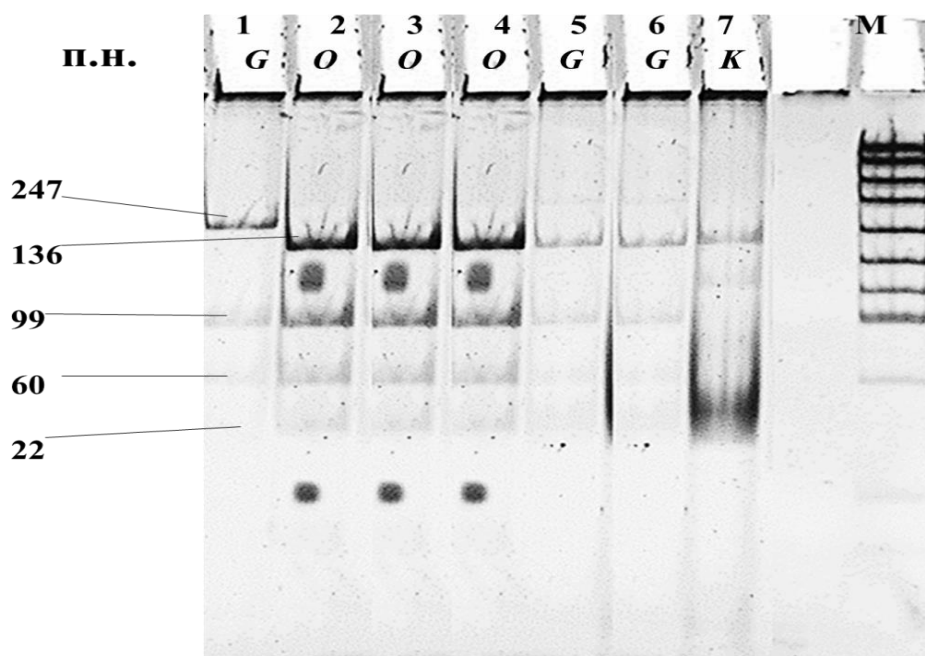


Рис. 3. Результат електрофорезного фракціонування у 8 % ПААГ, ампліфікованої ПЛР та гідролізованої за допомогою ендонуклеази *Tas I* мітохондріальної ДНК свиней (велика біла×ландрас)×Махgro: М — маркер молекулярної маси ДНК *pUC19/MspI*

Результати дослідження та їх обговорення. Нуклеотидні заміни мітохондріального геному свині в позиціях 15558, 15580, 15616, 15714, 15758 модифікують можливість ферментативного розщеплення ДНК і визначаються електрофоретичним розділенням рестриктних фрагментів. Різні комбінації поліморфізмів визначають 18 варіантів маркерів мітохондріальної ДНК, позначених латинськими літерами від А до Р (табл. 4). У великих популяціях генетичний дрейф загальних алелей досить незначний, проте, у невеликих популяціях, де відбувається схрещування між близькосторідними особинами, частка алелей змінюється відносно швидко.

Таким чином, спостережувана географічна різниця в гаплогрупах спричинена ефектом «бутилочного горлишка» або ефектом засновника, за яким слідує поділ популяції на окремі групи або значне збільшення кількості особин у даній популяції. На основі цього складено характеристики гаплотипів транскордонних порід свиней (табл. 4). Характеристика гаплотипів транскордонних порід свиней сформована за принципом Почерняєва К. Ф. [10–14].

Таблиця 4. Характеристика гаплотипів гібридних свиней (велика біла×ландрас) ×Махgro ТОВ НВП «Глобинський свинокомплекс»

Популяція	Місцезнаходження	Гаплотип	Гаплогрупа	Концентрація, %	Розмір рестриктного фрагмента ДНК, п.н.
дика свиня, ландрас, гемпшир, уельс	Україна, Польща, Франція	<i>C</i>	<i>E</i>	24	346/60/22
незнайдені серед свійських порід свиней		<i>D</i>	<i>A, E</i>	10	346/37/23/22
		<i>E</i>	<i>A, E</i>	8	247/159/22
дика свиня, уельс	Італія	<i>G</i>	<i>E</i>	12	247/99/60/22
незнайдені серед свійських порід свиней		<i>K</i>	<i>A, E</i>	6	203/159/44/22
дика свиня, велика біла (азійського типу), беркшир	континенти Азії	<i>N</i>	<i>A (D)</i>	28	203/136/44/23/22
дика свиня, ландрас	Скандинавія	<i>O</i>	<i>E</i>	12	203/99/60/44/22

Мітогеном гібридних свиней був класифікован на дві основні клади азійського та європейського походження (табл. 4, рис. 4). У межах азійської класи

азійські дикі свині були в основному розкидані в базальних гаплогрупах А і D. Дикі свині азійського типу з гаплотипом N належать до гаплогрупи А. Свині з гаплотипом N (йоркшир, беркшир) також об'єднані в азійську кладу. Йоркшир і беркшир належать до субгаплогруп D1a1 і D1b, D1e, D3, що підтверджує материнський внесок місцевих азійських свиней у сучасні західні породи. Гібридні свині з гаплотипом С (ландрас, гемпшир, уельс, дика свиня), G (уельс і дика свиня), О (ландрас, дика свиня) згруповані в європейську кладу Е. Породи ландрас несе обмежені азійські гаплотипи.

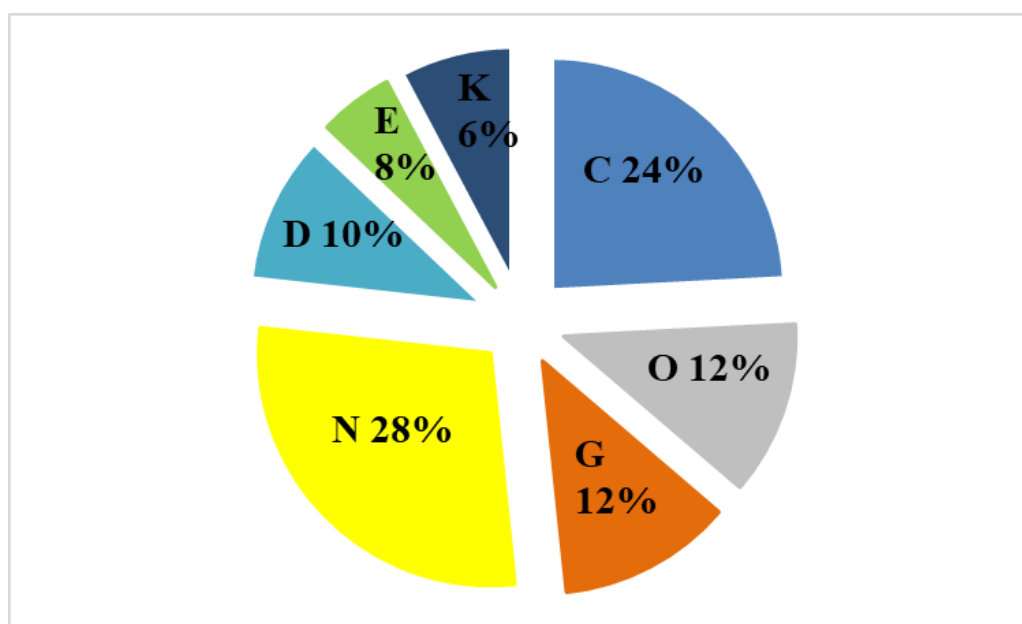


Рис. 4. Концентрація гаплотипів мтДНК свиней (велика біла×ландрас)×Махгро ТОВ НВП «Глобинський свинокомплекс»

У досліджуваній вибірці гібридних свиней (велика біла×ландрас)×Махгро визначено концентрацію мітохондріальних гаплотипів. Для маркера мітохондріальної ДНК (гаплотип) С – 24 %; 12 % для гаплотипа – G, O; для мтДНК-маркера N – 28 %; для гаплотипів, які не зустрічаються серед свійських порід свиней D – 10 %; E – 6 % і для K – 8 %.

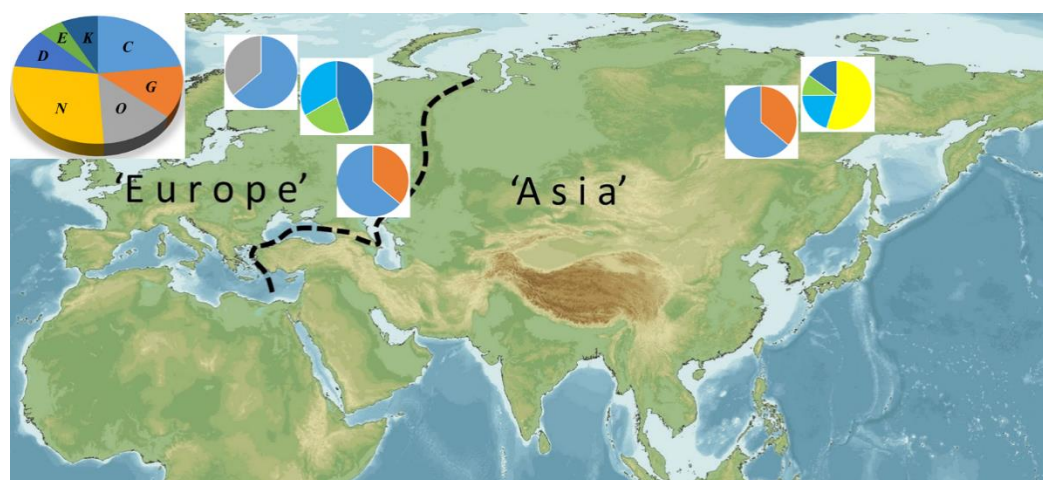


Рис. 5. Кластер мітохондріальних гаплотипів 50 гібридних свиней.

На карті показано Пд-Сх Азію, місце розповсюдження підвидів свиней (*Sus scrofa*), а також сучасне географічне розповсюдження диких та одомашнених свиней (рис. 5).

Гаплотипи, отримані від свиней транскордонних порід С (ландрас, гемпшир, уельс), О (ландрас), G (уельс), відповідають європейській філогенетичній кладі – E1. До клади E2 - відносяться підвиди диких свиней з гаплотипами С, О, G. Клада E2 була присутня в Італії до прибуття гаплотипів NE в південній Європі, а гаплотипи NE, у свою чергу, були датовані донеолітичним періодом, тобто до одомашнення свиней. Результат міграції гаплотипів D, E, K і N підтверджує гіпотезу про поширення гаплотипів із Західної Азії до Південної Європи через Малу Азію, але не через Північну Європу. Очевидно, що між західноєвропейськими, центральними та східноєвропейськими популяціями свиней не було ізоляції. Але виникає питання про можливі відмінності в походженні диких свиней (D, E, K) з різних частин Європейського та Азійського континенту. Ці результати свідчать про те, що для різних порід використовувалися різні схеми розведення, навіть для порід близького географічного походження. Загалом гаплотипо-популяційний аналіз показує, що більшість порід свиней з України, Польщі, Франції, Скандинавії та Італії мають переважно європейське походження та містять різні фракції предків великої білої породи, ландрас, дюрк та гемпшир. Однак я не виключаю, що азійські свині брали безпосередню участь у створенні або подальшому схрещуванні з місцевими породами свиней з України. Азія є найбільшим джерелом генетичної мінливості диких свиней і сучасних транскордонних порід свиней на основі їхнього географічного походження. Переважна мінливість європейських товарних свиней порівняно з європейськими дикими свинями здебільшого зумовлена інтрогресією азійських гаплотипів, але не домішкою європейського походження.

Висновки. Основним джерелом проматеринського внеску транскордонних порід свиней є азійський мітохондріальний тип - (гаплотип N). Ці результати покращили розуміння матрілінійного походження та філогеографічної моделі розподілу генетичного різноманіття транскордонних порід свиней (велика біла×ландрас)×Махго в Україні. Ми дійшли висновку, що природний відбір не працює або діє дуже слабо щодо одонуклеотидного поліморфізму, який призвів до формування гаплогрупи транскордонних порід свиней і зустрічається сьогодні.

Перспективи подальших досліджень. Використовувати повний мітохондріальний геном як основу для філогеографічного аналізу та моделювання міграцій транскордонних порід і підвидів диких свиней. Гаплотипи свиней, що належать до європейської та азійської кладі, можуть бути використані для створення офіційної програми розведення, з метою збереження та оцінки популяції за допомогою генетичного мітохондріального аналізу.

БІБЛІОГРАФІЯ

1. Vergara A. M. C., Martínez A. M., Bermejo J. V. D., Macri M., Nájera P. R. A., Duchi N. A. D., Vargas P. A. T. A Matrilineal Study on the Origin and Genetic Relations of the Ecuadorian Pillareño Creole Pig Population through D-Loop Mitochondrial DNA Analysis. *Animals*. 2021. Vol. 11. Is. 11. P. 3322. doi: 10.3390/ani11113322
2. Toalombo P. A., Camacho C. A., Buenaño R., Jiménez S., Navas-González F. J., Landi V., Delgado J. V. Efecto socioeconómico sobre las características fanerópticas de gallinas autóctonas de Ecuador. *Arch. Zootec.* 2019. Vol. 68. Is. 263. P. 416–421. doi: 10.21071/az.v68i263.4202

3. Kim K. I., Lee J. H., Li K., Zhang Y. P., Lee S. S., Gongora J., Moran C. Phylogenetic relationships of Asian and European pig breeds determined by mitochondrial DNA D-loop sequence polymorphism. *Anim Genet.* 2002. Vol. 33. Is. 1. P. 19–25. doi: 10.1046/j.1365-2052.2002.00784.x
4. Giuffra E., Kijas J. M. H., Amarger V., Carlborg Ö., Jeon J-T., Andersson L. The Origin of the Domestic Pig: Independent Domestication and Subsequent Introgression. *Genetics.* 2000. Vol. 154. Is. 4. P. 1785–1791. doi: 10.1093/genetics/154.4.1785
5. Kijas J. M., Andersson L. A phylogenetic study of the origin of the domestic pig estimated from the near-complete mtDNA genome. *J Mol Evol.* 2001. Vol. 52. Is. 3. P. 302–308. doi: 10.1007/s002390010158
6. Wang Y., Zhang C., Peng Y., Cai X., Hu X., Bosse M., Zhao Y. Whole-genome analysis reveals the hybrid formation of Chinese indigenous DHB pig following human migration. *Evolutionary Applications.* 2022. Vol. 15. Is. 3. P. 501–514. doi: 10.1111/eva.13366
7. Eizirik E., Trindade F. J. Genetics and Evolution of Mammalian Coat Pigmentation. *Annual Review of Animal Biosciences.* 2021. Vol. (9). P. 125–148. doi: 10.1146/annurev-animal-022114-110847
8. Hybridization in human evolution: Insights from other organisms / Ackermann R. R. et al. *Evolutionary Anthropology.* 2019. Vol. 28. Is. 4. P. 189–209. doi: 10.1002/evan.21787
9. Корінний С. М., Почерняєв К. Ф., Балацький В. М. Шерсть тварин як зручний об'єкт виділення ДНК для аналізу за допомогою ПЛР. *Ветеринарна біотехнологія.* 2005. № 7. С. 80–83.
10. Pocherniayev K. F. Genetic structure of Ukrainian Large White pigs, estimated using mitochondrial DNA-markers. *Agricultural Science and Practice.* 2016. Vol. 3(1). P. 61–65. 2016. doi: 10.15407/agrisp3.01.061
11. Почерняєв К. Ф., Березовський М. Д. Використання мітохондріальних ДНК-маркерів для контролю достовірності походження генеалогічних структур свиноматок : метод. рек. Полтава, 2014. С. 24–27.
12. Спосіб визначення мітохондріальних гаплотипів свиней : декл. пат. України ; № А61D7/00 з пріоритетом від 16.05.2005, Бюл. № 5.
13. Почерняєв К. Ф. Нові можливості багатосайтового способу визначення мітохондріальних гаплотипів свиней. *Свинарство : міжвідом. темат. наук. зб. / Ін-т свинарства і АПВ НААН.* Полтава, 2017. Вип. 69. С. 100–108.

REFERENCES

1. Vergara, A. M. C., Martínez A. M., Bermejo J. V. D., Macri M., Nájera P. R. A., Duchi N. A. D., & Vargas P. A. T. (2021). A Matrilineal Study on the Origin and Genetic Relations of the Ecuadorian Pillareño Creole Pig Population through D-Loop Mitochondrial DNA Analysis. *Animals*, 11(11), 3322. doi: 10.3390/ani11113322
2. Toalombo, P. A., Camacho C. A., Buenaño R., Jiménez S., Navas-González F. J., Landi V., & Delgado J. V. (2019). Efecto socioeconómico sobre las características fanerópticas de gallinas autóctonas de Ecuador. *Arch. Zootec.*, 68(263), 416–421. doi: 10.21071/az.v68i263.4202
3. Kim, K. I., Lee, J. H., Li, K., Zhang, Y. P., Lee, S. S., Gongora, J., & Moran, C. (2002). Phylogenetic relationships of Asian and European pig breeds determined by mitochondrial DNA D-loop sequence polymorphism. *Anim Genet*, 33(1), 19–25. doi: 10.1046/j.1365-2052.2002.00784.x

4. Giuffra, E., Kijas, J. M. H., Amarger, V., Carlborg, Ö., Jeon, J-T., & Andersson, L. (2000). The Origin of the Domestic Pig: Independent Domestication and Subsequent Introgression. *Genetics*, 154(4), 1785–1791. doi: 10.1093/genetics/154.4.1785
5. Kijas, J. M., & Andersson, L. (2001). A phylogenetic study of the origin of the domestic pig estimated from the near-complete mtDNA genome. *J Mol Evol*, 52(3), 302–308. doi: 10.1007/s002390010158
6. Wang, Y., Zhang, C., Peng, Y., Cai, X., Hu, X., Bosse, M., & Zhao, Y. (2022). Whole-genome analysis reveals the hybrid formation of Chinese indigenous DHB pig following human migration. *Evolutionary Applications*, 15(3), 501–514. doi: 10.1111/eva.13366
7. Eizirik, E., & Trindade, F. J. (2021). Genetics and Evolution of Mammalian Coat Pigmentation. *Annual Review of Animal Biosciences*, 9, 125–148. doi: 10.1146/annurev-animal-022114-110847
8. Ackermann, R. R., Arnold, M. L., Baiz, M. D., Cahill, J. A., Cortés-Ortiz, L., Evans, B. J., Grant, R. B., ... & Zinner, D. (2019). Hybridization in human evolution: Insights from other organisms. *Evolutionary Anthropology*, (28)4, 189–209. doi: 10.1002/evan.21787
9. Korinnyi, S. M., Pochernyaev, K. F., & Balatsky, V. M. (2005). Sherst' tvaryn yak zruchnyi ob'ekt vydilennia DNK dlia analizu za dopomohoiu PLR [Animal fur as a convenient object of DNA isolation for PCR analysis]. *Veterinary biotechnology* [Veterinary biotechnology], 7, 80–83 [in Ukrainian].
10. Pocherniayev, K. F. (2016). Genetic structure of Ukrainian Large White pigs, estimated using mitochondrial DNA-markers. *Agricultural Science and Practice*, 3(1), 61–65. doi: 10.15407/agrisp3.01.061
11. Pochernyaev, K. F., & Berezovskyi, M. D. (2014). *Vykorystannia mitokhondrialnykh DNK-markeriv dlia kontroliu dostovirnosti pokhodzhennia henealohichnykh struktur svynomatok* [The use of mitochondrial DNA markers to control the reliability of the origin of genealogical structures of sows]. Poltava, 24–27 [in Ukrainian].
12. Pochernyaev, K. F. (2005). *Sposib vyznachennia mitokhondrialnykh haplotypiv svynei* [Method of determination of mitochondrial haplotypes of pigs: a declaration patent of Ukraine no. A61D7/00 with priority from 16.05.2005]. Ukraine: Base of patents of Ukraine [in Ukrainian].
13. Pochernyaev, K. F. (2017). *Novi mozhlyvosti bahatosaitovoho sposobu vyznachennia mitokhondrialnykh haplotypiv svynei* [New possibilities of the multi-site method of determination of mitochondrial haplotypes of pigs.]. *Svynarstvo* [Pig Breeding]. Poltava, 69, 100–108 [in Ukrainian].

HAPLOGROUP OF THE MODERN LINES OF HYBRID PIGS

Y. O. Budakva, K. F. Pochernyaev, S. V. Lobchenko, T. M. Borzhak

Institute of Pig Breeding and agroindustrial production NAAS

Shvedska Mohyla Str., 1, Poltava, Ukraine, 36013

The aim. The study was conducted to characterize the genetic diversity of hybrid pigs (Large White×Landrace)×Maxgro in Ukraine. **Method.** DNA isolation was performed from bristle samples using Chelex-100 ion exchange resin and epithelial tissue from the ear of pigs by the sorbent method. **The results.** The results of DNA

typing of hybrid pigs (Large White×Landrace)×Maxgro from LLC "Hlobynskiy Svyonocomplex" are presented. Using PCR-RFLP analysis of the polymorphism of the D-loop section, 7 mitochondrial haplotypes were determined – N, C, O, G, D, E, K. In the studied sample of pigs (n=50), the concentration of haplotypes as a percentage is determined. It was found that mitochondrial haplotypes C (24 %) were found to be characteristic of Landrace pigs, Hampshire, Wales, a wild pig (Ukraine, Poland, France); haplotype O (12%) – inherent in a wild pig and Landrace breed (Sweden); haplotype G (12 %) – peculiar to Wales breed, a wild pig (Italy, France); haplotype N (28%) is characteristic of the Large White breed of pigs, representatives are carriers of the Asian type. It is worth noting that the Asian haplotype N is characteristic of the Asian wild pig and Berkshire breed. The presented data on the hybridization of mitochondrial genomes of Asian and European origin are the basis for the creation of modern lines of hybrid pigs along the maternal line. Haplotype N refers to haplogroup A(D), and haplotypes C, O, G belong to haplogroup E. It is completely uncertain that haplotypes D (10 %), E (6 %), K (8 %) belong to haplogroup A(D). According to the results obtained, haplogroup E in hybrid pigs is dominant, however, it is haplogroup A that is the predecessor of haplogroup E. We assume opinions that pigs of the Large White breed with haplotype N, D, E, K – contain aboriginal genetic resources. Pigs with haplotype D, E, K – are the result of hybridization with European wild boars. Over time, this led to the almost complete disappearance of the primary Middle Eastern ancestors in the nuclear genomes of European domesticated pigs. The speculation that traditional seasonal cattle breeding, annual long-distance migrations that have occurred in the past, and commercial trade in nucleuses explain the observatory pattern of favorable gene flow among hybrid pigs. **Conclusions.** The results obtained during the study of the mitochondrial genome of hybrid pigs improved the understanding of matrilineal origin and phylogeographic model of distribution of genetic diversity of cross-border pig breeds (Large White×Landrace)×Maxgro in Ukraine. We came to the conclusion that natural selection acts very weakly on the single nucleotide polymorphism that led to the formation of the haplogroup of cross-border breeds of pigs that are found today. The obtained results of the study are evidence that European pig breeds consist of pigs with Asian and non-Asian mitochondria, some of which were formed from closely related maternal ancestors. The work was carried out with the support of the National Academy of Agrarian Sciences of Ukraine 31.01.00.07.F. "To study the pleiotropic effect of genes whose SNPs are used in marker-associated selection of pigs." SR No. 0121U109838.

Key words: hybrid pigs, (Large White×Landrace)×Maxgro, mtDNA, D-loop, haplotype, haplogroup, PCR-PDRF.