

processing of sperm, etc. **Conclusions.** The evolution of scientific opinion on the relevant topic at Institute of Animal Science of the National Academy of Agrarian Sciences took place over 90 years - from initial experiments to the development of methods of freezing and long-term storage of sperm of boars, as well as the development of effective protective environments and technical means for the implementation of new technologies.

**Key words:** scientific developments, artificial insemination, history, pig breeding, scientists, Institute of Animal Science NAAS, Ukraine.

УДК 636.48.082.25(597)(477)

doi 10.37143/0371-4365-2022-77-78-04

## РЕКОНСТРУКЦІЯ ПОХОДЖЕННЯ УКРАЇНСЬКОЇ ПОПУЛЯЦІЇ В'ЄТНАМСЬКИХ СВИНЕЙ

**В. В. Матіюк, К. Ф. Почерняєв**

*Інститут свинарства і АПВ НААН України*

*вул. Шведська Могила, 1, м. Полтава, Україна, 36013*

Свині в'єтнамської породи, які були завезені з В'єтнаму до Східної Європи та Канади мають великий відсоток м'язової маси, тому наразі проводиться покращення цієї породи та активна племінна робота в багатьох країнах, зокрема і в Україні. Ці тварини є скороспілими, мають високий імунітет, свиноматки мають високий рівень молочності та з гарно розвинутим інстинктом материнства. Дана порода добре адаптується як до жаркого так і до вологого клімату. В Україні ця порода з'явилася завдяки закарпатському підприємцю М. Н. Поповичу. В 2004 р. в'єтнамська порода свиней опанувала всі західні та центральні області України. На території України вирощуються дві породи під назвою в'єтнамської: власне в'єтнамська та корейська. Ці породи мають розбіжності в фенотипі. Відмінності між корейською та в'єтнамською породами свиней, які є поширеними на території України мають фенотипові відмінності. **Мета.** Вирішення питання походження в'єтнамської породи свиней в Україні шляхом використання поліморфізму мтДНК. **Методи.** Для виявлення походження геному в'єтнамської породи свиней використовується метод визначення мітохондріальної ДНК, який дозволяє дослідити походження предкові материнські форми і таким чином вирішити її походження. Методи, які використовувалися для дослідження, мали використання мітохондріального поліморфізму ДНК за материнською лінією популяції в'єтнамських свиней в Україні. Для дослідження були відібрані зразки крові 4 кнуриців та 6 свинок в'єтнамської породи в приватному господарстві с. Тахтаулове, Полтавського

---

**Матіюк Валерія Валеріївна**, аспірантка, лаб. генетики,

e-mail: [kaleriya200600@gmail.com](mailto:kaleriya200600@gmail.com)

<https://orcid.org/0000-0002-2286-6337>

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

e-mail: [k.f.pochernyev@gmail.com](mailto:k.f.pochernyev@gmail.com)

<https://orcid.org/0000-0001-9973-6429>

району. Виділення ДНК проводили з використанням іонообмінної смоли Chelex 100. Ампліфікацію ДНК виконували з використанням реагентів «Thermo Fisher Scientific» за умовами виробника. **Результати.** Дослідження 29 аборигенних китайських, європейських порід та підвидів дикого кабана визначили чітку відмінність мтДНК азіатських та європейських порід свиней. Філогенетичні дослідження взаємозв'язків серед домашніх євро-американських, азіатських порід та популяції дикого кабана також виявив чіткий поділ мітохондріальних гаплотипів на азіатські та європейські. За допомогою цього підходу вдається визначати 10 європейських та 8 азіатських мітохондріальних гаплотипів. **Висновки.** Серед свиней в'єтнамської породи визначено мітохондріальні гаплотипи А та С, що належать європейській групі. Внесок у створення української популяції в'єтнамських свиней, можливо, зробили свиноматки порід дюрок, мангалиця чи гемпшир.

**Ключові слова:** свині, в'єтнамська порода, поліморфізм, мітохондріальна ДНК, гаплотипи, фенотипова відмінність, походження, геном, популяція, генетична мінливість.

**Вступ.** В'єтнамські свині вперше були привезені до Східної Європи та Канади у 1985 р. з В'єтнаму [1]. В даний час активна робота продовжує покращувати цю породу у напрямку збільшення розміру та відсотка м'язової маси. Найбільш активно племінна робота проводиться в Канаді, Угорщині та Україні. В даний час порода широко поширена в Південно-Східній Азії, Канаді, Угорщині, Румунії та Україні. Азіатські свині були завезені в Європу протягом 18-го та на початку 19-го століть. Молекулярні докази цієї інтрогресії, і загально отримані дані вказують на гібридне походження деяких основних «європейських» порід свиней [2]. Популяційні філогенетичні аналізи проводяться на домашніх свинях і диких кабанів шляхом скринінгу гаплогрупспецифічних мотивів мутації на основі повних послідовностей мітохондріальної ДНК [3].

Тварини даної породи відрізняються швидким зростанням, скороспілістю, статевої зрілості свинки досягають у віці 4 місяців, а кабанчики в 6 місяців. Тварини в'єтнамської породи мають високий імунітет та добре використовують територію для випасання.

У відгодівельний раціон може бути включено до 50 % грубих кормів (за рахунок породної особливості травної системи). Свиноматки в'єтнамської свині відрізняються врівноваженою психікою (не створюють проблем при догляді за потомством), високою молочністю, добре розвиненим материнським інстинктом та особливою охайністю. Порода добре адаптована як до вологого жаркого клімату Південно-Східної Азії, так і до суворих зим центральної Європи та Канади. Тварини беконного складання. Тулуб широкий, присадкуватий, грудна клітка широка. У підсвинків і дорослих свиноматок великий живіт, що відвисає. Голова невелика, з яскраво вираженою мопсовидністю, у кабанів з моменту статевої зрілості починають рости ікла, які до трьох років досягають 10–15 см. Вуха маленькі, стоячі. У дорослих особин від шиї до крупу щетина досягає 20-сантиметрової довжини, утворюючи так званий «ірокез», наїжачений вигляд якого вказує на емоційний стан тварини. Коли тварина налякана чи зраділа, так званий «ірокез» здибається. Для породи характерне чорне забарвлення, чорне з невеликими білими плямами на голові і біля копит, але в послідах також зустрічаються тварини з забарвленням дикого кабана (темно-руда в поздовжню смужку), але це забарвлення, так само як і світле, не характерне для даної породи.

В Україну свиней в'єтнамської породи завіз із Угорщини закарпатський підприємець М. М. Попович. До 2004 р. ця порода освоїла всі західні та центральні області України, а 2005 року вперше оголосили про продаж молодняку селяни східних областей: Донецької, Сумської, Харківської. На території України під назвою в'єтнамської зараз вирощують дві породи: власне в'єтнамську та корейську. Корейські свині за 7 місяців набирають вагу до 80 кг, а в'єтнамські – дрібніші. Є відмінності у зовнішньому вигляді. Корейські свині більш зморшкуваті, особливо їх приймочки, у в'єтнамських же – приймочки прямі, очі вузькі. У зв'язку з цим з'ясування питання походження в'єтнамської породи свиней може бути дуже корисним. Для реконструкції походження тієї чи іншої породи на основі еволюційних даних, в нашому випадку визначається за допомогою сортування мітохондріальної ДНК [4]. Це може бути певною мірою вирішено з використанням поліморфізму мітохондріальної ДНК (мтДНК). За останні 10 років накопичилися значні дані про одонуклеотидні поліморфізми мтДНК характерних для домашніх свиней та європейських та азіатських підвидів дикого кабана. Враховуючи, що успадкування мітохондріального геному відбувається лише по материнській лінії, навіть через низку поколінь, можливо, розрізнити у певній породі предкові материнські форми і таким чином вирішити її походження. Породні відмінності виникають внаслідок нових умов середовища, що викликають зміни не тільки і не стільки генома, скільки хромосомного набору ядер, а в них регуляторних, а не структурних генів. Тому, незважаючи на різну кількість хромосом у дикого кабана (36) і у домашньої свині (38), вони легко схрещуються і дають плідне гібридне потомство, за фенотипом більше схоже на свиню, за явного домінування спадковості кабана [5]. Генетичні зв'язки в'єтнамських свиней є цікавим питанням для дослідження багатьох науковців, не тільки вітчизняних, а й закордонних, тож для оцінки генетичних зв'язків в'єтнамських свиней та в'єтнамських кабанів, доводять, що у В'єтнамі також існує дві популяції диких кабанів, які є схожими за генотипами, але із відмінним фенотипом [6].

**Матеріали та методи досліджень.** З використанням поліморфізму мітохондріальної ДНК визначити походження за материнською лінією популяції в'єтнамських свиней в Україні. Для дослідження були відібрані зразки крові 4 кнурців та 6 свинок в'єтнамської породи в приватному господарстві с. Тахтаулове, Полтавського району. Виділення ДНК проводили з використанням іонообмінної смоли Chelex 100 [7].

Молекулярно-генетичні дослідження проводились в умовах лабораторій генетики Інституту свинарства та АПВ НААН, що сертифікована для проведення генетичного аналізу на рівні ДНК. Ампліфікацію ДНК виконували з використанням реагентів «Thermo Fisher Scientific» за умовами виробника. Олігонуклеотидні праймери для ампліфікації фрагмента регіону D-ланцюга мітохондріального геному свині в позиції 15534–15962 було синтезовано (Metabion international AG, ФРН). Олігонуклеотидні праймери для ампліфікації мітохондріальної ДНК мали наступну структуру: прямий MITPRO 2F CATACAAATATGTGACCCCAAA та MITPRO R GTGAGCATGGGCTGATTAGTC. Ампліфікацію ДНК за допомогою ПЛР проводили на програмованому термостаті Biometra TRIO (Biometra, Germany). Аліквоту продукту ПЛР (10 мкл) гідролізували ендонуклеазою *TasI* (Thermo Fisher Scientific). Продукти гідролізу продуктів ПЛР розділяли за допомогою 1,5 % агарозного гель-електрофорезу у 1× Трис-боратному електродному буфері (TBE) упродовж 2 год за сили струму 50 мА в електрофоретичній камері (Clever

Scientific Ltd. UK). Як маркер молекулярної маси використовували ДНК плазмід *pBlueScript*, гідролізованої ендонуклеазою MspI. Після закінчення електрофорезу гель фарбували розчином бромистого етидію (10 мг/см<sup>3</sup>) та фотографували за допомогою системи гель-документації (Cleaver Scientific Ltd. UK).

**Результати дослідження та їх обговорення.** Дослідження 29 аборигенних китайських, європейських порід та підвидів дикого кабана визначили чітку відмінність мтДНК азіатських та європейських порід свиней. Було також показано тісніший зв'язок китайського підвиду дикої свині з китайськими домашніми породами свиней [8]. Філогенетичні дослідження взаємозв'язків серед домашніх євро-американських, азіатських порід та популяцій дикого кабана також виявив чіткий поділ мітохондріальних гаплотипів на азіатські та європейські [9]. Із застосуванням методу молекулярно-генетичного "годинника", час дивергенції з предкової форми європейського та азіатського підвидів оцінено приблизно в 500 тисяч років [2]. За цей тривалий період у мітохондріальних геномах різних підвидів дикого кабана за рахунок генетичної мінливості та ізоляції утворилися специфічні варіанти мітохондріальної ДНК – гаплотипи. На сьогоднішній день розрізняють до 16 підвидів дикого кабана [10]. У цих підвидів, крім морфологічних та фізіологічних особливостей виявлено генетичні відмінності, у тому числі мітохондріального геному. Послідовності мітохондріальної ДНК (мтДНК) (574 bp) 29 аборигенних в'єтнамських свиней (великих і малих), азіатських та європейських порід досліджували та порівнювали з гаплотипами диких кабанів і домашніх свиней [11]. У процесі доместикації різних підвидів дикого кабана, що відбулася приблизно 9 тисяч років тому незалежно в Європі та Азії, специфічні гаплотипи успадкували одомашнені свині, а від них і сучасні породи свиней. Визначити специфічні гаплотипи можна як секвенуванням, але з використанням метод ПЛР-ПДРФ [12]. За допомогою цього підходу вдається визначати 10 європейських та 8 азіатських мітохондріальних гаплотипів. Час від дивергенції європейських і східноазіатських домашніх свиней і диких кабанів було оцінено в кількох філогенетичних аналізах, як правило, на основі часткових мітохондріальних послідовностей або невеликої кількості повних послідовностей мтДНК [13]. В'єтнамські автохтонні породи продемонстрували вищий ступінь поліморфізму, алельної різноманітності та гетерозиготності, ніж інші породи свиней. Порівняно з європейськими породами, в'єтнамські місцеві породи свиней містили значну кількість генетичного різноманіття і, отже, будуть мати значення для біозбереження худоби [14].

Аналіз мітохондріальної ДНК свиней в'єтнамської породи методом ПЛР-ПДРФ дозволив визначити 2 мітохондріальні гаплотипи А і С. Результати гаплотипування представлені на (рис. 1).

Даний TasI рестриктний поліморфізм мітохондріального геному свині формується за рахунок заміни у нуклеотидних позиціях 15580, 15616, 15714 та 15758 регіону D-петлі. Для сучасних порід та підвидів дикого кабана визначені азіатські та європейські мітохондріальні гаплотипи [2, 10]. Ми очікували, що мітохондріальні гаплотипи свиней в'єтнамської породи належать до азіатської групи. Однак гаплотип А зустрічається у свиней порід дюррок та мангалиця, а гаплотип С у порід гемпшир, уельс, ландрас та дикого кабана Польщі та Франції та обидва гаплотипи належать до європейської групи.

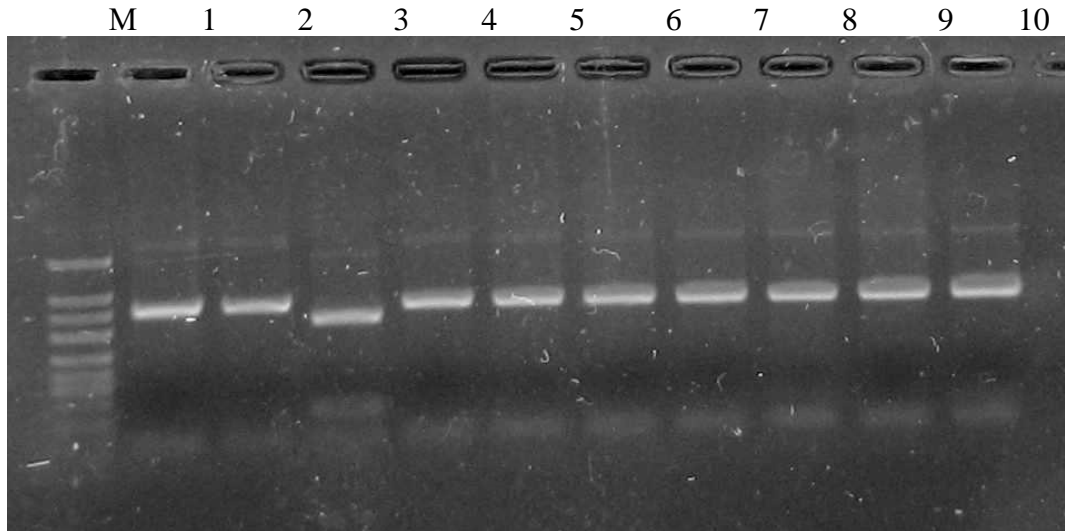


Рис. 1. Гаплотипи А А С А А А А А А А А  
А А

Примітки: Електрофорез у 1,5 % агарозному гелі фрагменту некодуючого регіону мітохондріальної ДНК свиней в'єтнамської породи ампліфікованого в ПЛР та рестрикованої ендонуклеазою *Tas I*. Мітохондріальна ДНК: кнурці – 2, 3, 7, 9; свиноматки – 1, 4, 5, 6, 8, 10; М - маркер молекулярної маси ДНК *pBlueScript/Msp I*.

З отриманих результатів дослідження поліморфізму мітохондріальної ДНК можна припустити, що внесок у виробництво популяції в'єтнамської породи свиней зробили свиноматки перелічених вище порід. Також можна зробити висновок, що гаплогрупа української популяції в'єтнамських свиней представлена двома гаплотипами – А та С. Чорний колір щетини та шкіри свиней в'єтнамської породи, вказує на відсутність домінантного алелю гена *KIT*, що визначає білий колір щетини. Це дозволяє виключити з перерахованих вище порід ландрас і уельс.

Таким чином, популяція свиней в'єтнамської породи дослідного господарства Інституту свинарства має гібридне походження. Можливо, гібридизація відбулася ще до інтродукції породи України.

**Висновки.** Серед свиней в'єтнамської породи визначено мітохондріальні гаплотипи А та С, що належать європейській групі. Внесок у створення української популяції в'єтнамських свиней, можливо, зробили свиноматки порід дюррок, мангалиця чи гемпшир.

**Перспективи подальших досліджень.** Оцінка участі порід дюррок, мангалиця та гемпшир можливо буде після визначення алелів гена меланокортинового рецептора 1 (*MC1R*), що визначає домінантний чорний колір.

#### БІБЛОГРАФІЯ

1. В'єтнамська вислобрюха. Онлайн-асистент фермера. URL: <https://kurkul.com/porody/429-vyetnamska-vislobryuha> (дата звернення: 12.10.2022)
2. Giuffra E., Kijas J. M., Amarger V., Carlborg O., 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

3. Wu G. S., Yao Y. G., Qu K. X., Ding Z. L., Li H., Palanichamy M. G., Duan Z. Y., Li N., Chen Y. S. Zhang Y. P. Population Phylogenomic Analysis of Mitochondrial DNA in Wild Boars and Domestic Pigs Revealed Multiple Domestication Events in East Asia. *Genome Biology*. 2007. Vol. 8. Is. 11. Article R245. doi: 10.1186/gb-2007-8-11-r245
4. Saitou N., Nei M. The neighbor-joining method: A New Method for Reconstructing Phylogenetic Trees. *Molecular Biology and Evolution*. 1987. Jul. Vol. 4. Is. 4. P. 406–425. doi: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454
5. Хохлов А. М., Федяєва А. С., Данілова Т. М., Гончарова І. І., Церенюк О. М. Філогенез показників резистентності домашніх і диких свиней. *Фактори експериментальної еволюції організмів* : зб. наук. пр. / НАН, Ін-т молекулярної біології і генетики, Укр. тов-во генетиків і селекціонерів ім. М. І. Вавилова. Київ, 2021. Т. 29. С. 58–63. doi: 10.7124/FEEO.v29.1407
6. Ishiguro N., Sasaki M., Iwasa M., Shigehara N., Hongo H., Anezaki T., Long V. T., Lan D. T. B. Long P. T. mtDNA Variation in Vietnamese pigs, with Particular Emphasis on the Genetic Relationship between Wild Boars from Vietnam and the Ryukyu Islands. *Mammal Study*. 2008. Vol. 33. № 2. P. 51–68. doi: 10.3106/1348-6160(2008)33[51:MVVPW]2.0.CO;2
7. Walsh, P. S., Metzger, D. A., Higuchi, R. Chelex 100 as a Medium for Extraction of DNA for PCR-Based Typing from Forensic Material. *BioTechniques*. 1991. № 10. P. 506.
8. Kim K-1., 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
9. Okumura N., Kurosawa Y., Kobayashi E., Watanobe T., Ishiguro N., Yasue H., Mitsuhashi T. Genetic relationship amongst the major non-coding regions of mitochondrial DNAs in wild boars and several breeds of domesticated pigs. *Anim. Genet*. 2001. Vol. 32. Is. 3. P. 139–147. doi: 10.1046/j.1365-2052.2001.00757.x
10. Ruvinsky A., Rothschild M. F. The Genetics of the Pig, Oxon, UK: CAB International, 1998. 640 p. URL: <http://sherekashmir.informaticspublishing.com/829/1/9781845937560.pdf> (date of access: 10.11.2022).
11. Hongo, H., Ishiguro, N., Watanobe, T., Shigehara, N., Anezaki, T., Long, V. T., Binh, D. V., Tien, N. T. and Nam, N. H. (2002) Variation in Mitochondrial DNA of Vietnamese Pigs: Relationships with Asian Domestic Pigs and Ryukyu Wild Boars. *Zoological Science*. 2022. Vol. 19. P. 1329–1335. doi: 10.2108/zsj.19.1329
12. Pochernyaev K. F. Genetic Structure of Large White pigs of Ukraine estimated using mitochondrial DNA markers. *Agric. Sci. Pract.* 2016. Vol. 3. № 1. P. 61–65. doi: 10.15407. agrisp3.01.061.
13. Fernández A. I., Alves, E., Óvilo C., Rodríguez, M. C., Silió, L. Divergence Time Estimates of East Asian and European Pigs Based on Multiple near Complete Mitochondrial DNA Sequences. *Animal Genetics*. 2010. Vol. 42. Is. 1. P. 86–88. doi: 10.1111/j.1365-2052.2010.02068.x
14. Thuy N. T. D., Melchinger-Wild E., Kuss A. W., Cuong N.V., Bartenschlager H. & Geldermann H. Comparison of Vietnamese and European Pig Breeds Using Microsatellites. *J. of Animal Sci.* 2006. Vol. 84(10). P. 2601–2608. doi: 10.2527/jas.2005-641

## REFERENCES

1. *Vietnamska vyslobriukha*. Onlain-asystent fermeru [Vietnamese underbelly. Online assistant to the farmer]. Retrived from <https://kurkul.com/porody/429-vyetnamska-vislobryuha> [in Ukrainian] (date of access: 12.10.2022).
2. Giuffra, E., Kijas, J. M. H., Amarger, V., Carlborg, O., Jeon, J.-T., & Andersson, L. (2000). The Origin of the Domestic Pig: Independent Domestication and Subsequent Introgression. *Genetics*, 154, 1785–1791. doi: 10.1093/genetics/154.4.1785
3. Wu, G. S., Yao, Y. G., Qu, K. X., Din, Z. L., Li, H., Palanicham, M. G., Duan, Z. Y., & Zhang, Y. P. (2007). Population Phylogenomic Analysis of Mitochondrial DNA in Wild Boars and Domestic Pigs Revealed Multiple Domestication Events in East Asia. *Genome Biology*, 8, R245. doi: 10.1186/gb-2007-8-11-r245
4. Saitou, N., & Nei, M. (1987). The Neighbor-Joining Method: A New Method for Reconstructing Phylogenetic Trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4, 406–425. doi: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454
5. Khokhlov, A. M., Fediaieva, A. S., Danilova, T. M., Honcharova, I. I., Tsereniuk, O. M. (2021). Filohenez pokaznykiv rezystentnosti domashnikh i dykykh svynei [Phylogeny of resistance indicators of domestic and wild pigs]. *Faktohy eksperymentalnoi evoliutsii orhanizmiv* [Factors of experimental evolution of organisms]. Kyiv, 29, 58–63. doi: 10.7124/FEEO.v29.1407
6. Ishiguro, N., Sasaki, M., Iwasa, M., Shigehara, N., Hongo, H., Anezaki, T., Long, V. T. & Long, P. T. (2008). mtDNA Variation in Vietnamese pigs, with Particular Emphasis on the Genetic Relationship between Wild Boars from Vietnam and the Ryukyu Islands. *Mammal Study*, 33, 51–68. doi: 10.3106/1348-6160(2008)33[51:MVIVPW]2.0.CO;2
7. Walsh, P. S., Metzger, D. A., & Higuchi, R. (1991). Chelex 100 as a Medium for Extraction of DNA for PCR-Based Typing from Forensic Material. *BioTechniques*, 10, 506.
8. Kim K-1., 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, 19–25. doi: 10.1046/j.1365-2052.2002.00784.x
9. Okumura, N., Kurosawa, Y., Kobayashi, E., Watanobe, T., Ishiguro, N., Yasue, H., & Mitsuhashi, T. (2001). Genetic relationship amongst the major non-coding regions of mitochondrial DNAs in wild boars and several breeds of domesticated pigs. *Anim. Genet.*, 32, 139–147. doi: 10.1046/j.1365-2052.2001.00757.x
10. Ruvinsky, A., & Rothschild, M. F. (1998). *The Genetics of the Pig*. Oxon, UK: CAB International. Retrived from <http://sherekashmir.informaticspublishing.com/829/1/9781845937560.pdf> (date of sccess: 10.11.2022).
11. Hongo, H., Ishiguro, N., Watanobe, T., Shigehara, N., Anezaki, T., Long, V. T., Binh, D. V., Tien, N. T. & Nam, N. H. (2002) Variation in Mitochondrial DNA of Vietnamese Pigs: Relationships with Asian Domestic Pigs and Ryukyu Wild Boars. *Zoological Sci.*, 19, 1329–1335. doi: 10.2108/zsj.19.1329
12. Pochernyaev, K. F. (2016). Genetic Structure of Large White pigs of Ukraine estimated using mitochondrial DNA markers. *Agric. Sci. Pract.*, 3(1), 61–65. doi: 10.15407. agrisp3.01.061.
13. Fernández, A. I., Alves, E., Óvilo C., Rodríguez, M. C., & Silió, L. (2010). Divergence Time Estimates of East Asian and European Pigs Based on Multiple near Complete Mitochondrial DNA Sequences. *Animal Genetics*, 42(1), 86–88. doi: 10.1111/j.1365-2052.2010.02068.x

14. Thuy, N. T. D., Melchinger-Wild, E., Kuss, A. W., Cuong, N. V., Bartenschlager, H. & Geldermann, H. (2006). Comparison of Vietnamese and European Pig Breeds Using Microsatellites. *J. of Animal Sci.*, 84(10), 2601–2608. doi: 10.2527/jas.2005-641

## RECONSTRUCTION OF THE ORIGIN OF THE UKRAINIAN POPULATION OF VIETNAMESE PIGS

V. V. Matiuk, K. F. Pocherniaev

*Institute of Pig Breeding and agroindustrial production NAAS  
Shvedska Mohyla Str., 1, Poltava, Ukraine, 36013*

*Pigs of the Vietnamese breed, which were imported from Vietnam to the countries of Eastern Europe and Canada, have a high percentage of muscle mass, so the improvement of this breed is currently ongoing and active breeding work is being conducted in many countries, in particular in Ukraine. These animals are precocious, have high immunity, sows have high milk productivity, well-developed maternal instinct. These animals belong to the bacon line of the production. The body is wide, stout, the chest is wide. Up to 50 % roughage can be included in the fattening ration (taking into account the breed specifics of the digestive system). This breed adapts well to both hot and humid climates. In Ukraine, this breed appeared thanks to the Transcarpathian entrepreneur M. N. Popovych In 2004, the Vietnamese breed of pigs conquered all the western and central regions of Ukraine, and in 2005, young animals began to be sold in the eastern regions of Ukraine. Two breeds called Vietnamese are grown on the territory of Ukraine: actually Vietnamese and Korean. These breeds have differences in phenotype. **Aim.** Solving the question of the origin of the Vietnamese breed of pigs in Ukraine by using mtDNA polymorphism. **Methods.** To identify the origin of the genome of the Vietnamese breed of pigs, the method of determining the mitochondrial DNA is used, which allows to study the origin of the ancestral maternal form and thus to solve its origin. The methods used for the study involved the use of mitochondrial DNA polymorphism in the maternal line of the Vietnamese pig population in Ukraine. For the study, blood samples were taken from 4 boars and 6 gilts of the Vietnamese breed in a private farm in the village Takhtaulove, Poltava district. DNA isolation was performed using Chelex 100 ion exchange resin. DNA amplification was performed using Thermo Fisher Scientific reagents according to the manufacturer's conditions. **The results.** A study of 29 aboriginal Chinese, European breeds and subspecies of wild boar identified a distinct difference in the mtDNA of Asian and European pig breeds. Phylogenetic studies of relationships among domestic Euro-American, Asian breeds and wild boar populations also revealed a clear division of mitochondrial haplotypes into Asian and European ones. Using this approach, it is possible to determine 10 European and 8 Asian mitochondrial haplotypes. **Conclusions.** Mitochondrial haplotypes A and C belonging to the European group have been identified among Vietnamese pigs. A contribution to the creation of the Ukrainian population of Vietnamese pigs may have been made by sows of the Durok, Mangalitsa or Hampshire breeds.*

**Key words:** pigs, Vietnamese breed, polymorphism, mitochondrial DNA, haplotypes, phenotypic difference, origin, genome, population, genetic variability.