



Ендогенні ретровіруси PERV A/C у геномах свиней українських порід та їх зв'язок з рівнем осалюваності туш

Т. М. Рук

tanya.ryk.77@gmail.com

Львівська медична академія імені Андрія Крупинського,
вул. Петра Дорошенка, 70, Львів, 79000, Україна

Представлені результати аналізу частоти ретровірусу PERV підтипів А і С у популяціях свиней порід української і зарубіжної селекції. Встановлено різну частоту наявності геному вірусів PERV підтипів А і С у тварин досліджених порід. Найбільшу відносну кількість тварин, повністю вільних від ретровірусів обох типів, спостерігали у групі диких свиней (86%), найменшу — в групах порід полтавська м'ясна і п'єстрен. Тварин, вільних від обох підтипів вірусу, виявляють в усіх досліджуваних групах. У статті розглянуто гіпотезу щодо збільшення у процесі доместикації свиней частоти особин, в геномі яких присутній ретровірус PERV. Інтеграція останнього стала причиною мутації в генах, відповідальній за жировідкладання, яка призводить до збільшення осаленості туш і могла бути підхоплена селекцією в процесі створення порід. Однак очевидного зв'язку розповсюдження вірусу в сучасних породах різного напрямку продуктивності не встановлено. Також відсутній зв'язок між показниками осаленості туш і присутністю в геномі особин PERV. Встановлено, що інформація про розповсюдження PERV A/C у породах свиней, які розводять в Україні, є корисною щодо можливості використання кожної з них для потреб ксенотрансплантації. Також цю інформацію може бути використано для обґрунтування підбору порід-засновників з метою створення ліній свиней, вільних від геному ендогенного ретровірусу.

Ключові слова: ДНК-типування, ксенотрансплантація, ендогенні ретровіруси PERV типів А і С, товщина шпикю, породи свиней

Одним із перспективних напрямів для біомедичних досліджень є використання свиней для потреб трансплантології [3]. При цьому важливою проблемою є наявність у геномі тварин ендогенних ретровірусів PERV-A і PERV-C, які можуть бути небезпечними для людини за умови ксенотрансплантації органів свині [5].

Тип ретровірусу А може інфікувати, окрім клітинних ліній свині, деякі лінії клітин людини *in vitro*, а PERV-C здатен до реплікації лише у клітинах свиней [2]. Проте останнім часом з'являється інформація стосовно утворення рекомбінантних вірусів PERV-A/C, які здатні до інфікування клітин людини і демонструють реплікацію з високим титром [2], що є доказом інфекційної компетентності PERV-A/C.

Визначення особин, вільних від PERV-C, позбавить науковців необхідності у проведенні складних генно-інженерних маніпуляцій з нокаутування ДНК цього вірусу, а відомості щодо його відсутності у дикого

європейського кабана [1] можуть бути підставою до виявлення бажаних генних комбінацій в аборигенних українських порід свиней. Тому обов'язковим завданням перед проведенням селекційних заходів має бути генетичний моніторинг вихідних порід тварин щодо їх спадково обумовленої стійкості до стресових факторів і наявності бажаних комбінацій алелів, максимально переведених у гомозиготний стан.

Аналіз PERV у різних порід свійських свиней продемонстрував високу частоту виявлення PERV типів А і В у геномах більшості досліджених тварин, проте досить часто виявляють свиней, у яких відсутній PERV типу С [10]. Особливо це стосується аборигенних свійських порід свиней і диких кабанів. Згідно з гіпотезою [7], поширення PERV у популяціях свійських свиней виникло у процесі їхньої доместикації, яка супроводжувалася підвищенням осаленості туш тварин. Молекулярно-генетичне тестування з метою виявлення свиней-носіїв ендогенного ретровірусу

підтипів А та С дозволить проводити відбір тварин-донорів зі зниженою інфекційною здатністю.

Метою роботи було дослідження розповсюдження ендогенних ретровірусів підтипів А і С в геномах свиней порід, які розводять в Україні, і встановлення можливого зв'язку рівня осаленості туш свиней з присутністю в їхньому геномі PERV-A і PERV-C.

Матеріали і методи

Весь обсяг досліджень проведений на базі лабораторії генетики Інституту свинарства і агропромислового виробництва НААН.

Для дослідження було відібрано зразки венозної крові та щетини від тварин основного поголів'я миргородської породи (М, n=40, ДП «Дослідне господарство імені Декабристів» Інституту свинарства і агропромислового виробництва НААН); полтавської м'ясної породи (ПМ, n=10, к/з «Деркульський», Луганська обл., та к/з «Стрілецький»); української степової рябої породи (УСР, n=20, Асканія-Нова, Херсонська обл.); в'єтнамської звислочеревої породи (В, n=10); великої білої породи (ВБ, n=20, ДПДГ «Гонтарівка» Інституту тваринництва НААН); української м'ясної породи (УМ, n=22, банк ДНК лабораторії генетики Інституту свинарства і АПВ НААН); дикої свині (ДС, n=7) та п'єтрен (П, n=20, Дослідна станція Хоенхаймського університету, Німеччина); свині породи ландрас (Л, n=20, ТОВ «Хлібне», Лозівський р-н, Харківська обл.).

Дослідження з пошуку асоціації між присутністю ДНК вірусів PERV-C і PERV-A у геномі свиней та товщиною шпиків проводили на тваринах миргородської

породи (n=40). Товщину шпиків визначали на рівні 6–7 хребців прижиттєво за допомогою шпикоміра.

ДНК виділяли із крові за допомогою іонобійної смоли (5% робочий розчин *Chelex-100*) [9]. Аналіз ретровірусів PERV проводили методом ПЛР-ПДРФ [4]. Локус-специфічну ампліфікацію проводили за схемою: готували реакційну суміш (25 мкл) — 2,5 мкл універсального 10x PCR буфера, 1 мкл прямого F-праймера (5 мкМ), 1 мкл зворотного R (5 мкМ), 0,1 мкл (5 од. акт.), Taq — ДНК-полімерази (*Thermoscientific*, Литва), 19,4 мкл деіонізованої води та 1 мкл ДНК-матриці, згідно з рекомендаціями, PERV-C [11], PERV-A [12] та α -Actin [6].

Реакцію проводили в термоциклері «Терцик-2» («ДНК-технологія», Російська Федерація). На реакційну суміш нашаровували 25 мкл мінерального масла. Програма ампліфікації: 95°C — 2 хв.; 35 циклів: 95°C — 30 с, (відпал праймерів) °C — 30 с, 72°C — 3 хв, 72°C — 5 хв.

Структура праймерів [1], температура відпалу праймерів, довжина амплікатів і фрагменти рестрикції представлені у табл. 1.

Електрофорез продуктів ампліфікації проводили у 2% агарозному гелі у тріс-боратному електрофорезному буфері. Гелі фарбували розчином бромистого етидію (0,5 мкг/мл) протягом 10 хв з наступним багатозразовим відмиванням їх у дистильованій воді. Візуалізацію фрагментів ДНК проводили в УФ-світлі.

Фотодокументацію здійснювали цифровою фотокамерою *Canon Power Shot/S-S3*.

Популяційно-генетичні характеристики обчислювали за допомогою *Excel 2007* з подальшою побудовою графіків і таблиць.

Таблиця 1. Умови ампліфікації генів
Table 1. Gene amplification conditions

Ген Gene	Структура праймерів Primer structure	Амплікон / температура відпалу Amplicon / annealing temperature
PERV-C	F: 5/-CTGACCTGGATTAGAAGCTGG-3/ R: 5/-ATGTTAGAGGATGGTCTCTGG-3/	281 п.н. / 65°C
PERV-A	F:5/-TCCGTGCTTACGGGTTTTAC-3/ R:5/-TTGCCAATCTTTCCATCTCC-3/	224 п.н. / 60°C
α -Actin	F: 5/-CGCCATGTGTGACGAAGACGAGACC-3/ R: 5/-CACGTACATGGCGGGCACGTTGAAG-3/	516 п.н. / 62,5°C

Результати й обговорення

Виявлення геномів ретровірусів у спадковому матеріалі клітин тварин передбачає ПЛР-ампліфікацію фрагмента ДНК вірусів. При цьому критерієм коректного проведення ПЛР зазвичай є ампліфікація

у зразку ДНК тварини фрагмента одного з генів «внутрішньої будови» клітини. У нашій роботі це був ген α -Actin, фрагмент якого розміром 516 п.н. виявляли на електрофореграмі у кожному з досліджуваних зразків і який слугував внутрішнім позитивним контролем ампліфікації у форматі дуплексної ПЛР (рис. 1, 2).

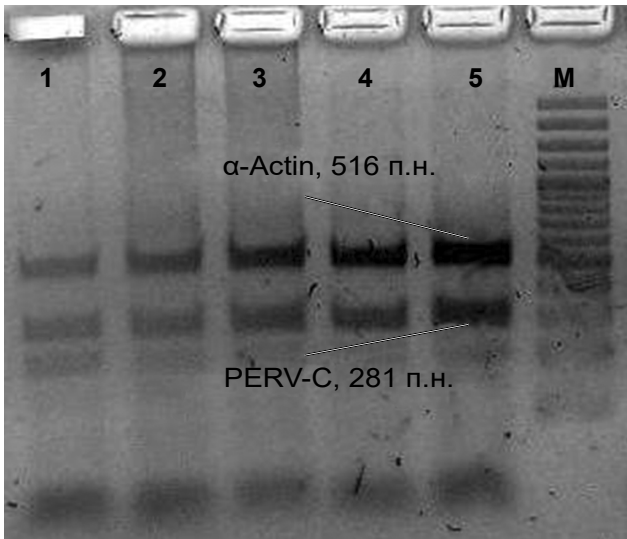


Рис. 1. ДНК свиней миргородської породи, електрофорез у 2% агарозному гелі продуктів мультиплекс ПЛП PERV-C — α -Actin (LAPC).

M — маркер молекулярної маси, 50 bp DNA Ladder (від 50 до 500 bp); 1–5 — продукти мультиплекс ПЛП PERV-C — α -Actin (LAPC)

Fig. 1. DNA of Myrhorod pigs, electrophoresis in 2% agarose gel of PERV-C — α -Actin (LAPC) PCR multiplex products.

M — a molecular weight marker, 50 bp DNA Ladder (from 50 to 500 bp); 1–5 — multiplex PCR product PERV-C — α -Actin (LAPC)

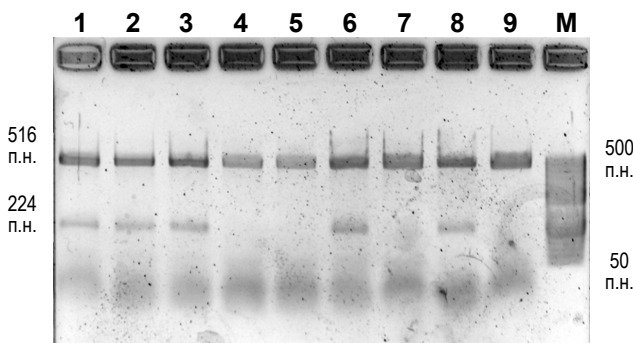


Рис. 2. ДНК свиней миргородської породи, електрофорез у 2% агарозному гелі продуктів мультиплекс ПЛП PERV-A — α -Actin (LAPC).

M — маркер молекулярної маси, 50 bp DNA Ladder (від 50 до 500 bp); 1–3, 6, 8 — продукти мультиплекс ПЛП PERV-A + α -Actin (LAPC);

4, 5, 9 — зразки, у яких відсутній ген PERV-A

Fig. 2. DNA of Myrhorod pigs, electrophoresis in 2% agarose gel of PERV-A — α -Actin (LAPC) PCR multiplex products.

M — molecular weight marker, 50 bp DNA Ladder (from 50 to 500 bp); 1–3, 6, 8 — products of multiplex PCR PERV-A + α -Actin (LAPC); 4, 5, 9 — samples with no PERV-A gene

Проведено аналіз геномів ретровірусів PERV-C і PERV-A у свиней різних порід і напрямів продуктивності. У субпопуляції дикої свині носіїв ретровірусу PERV-C не виявлено, що узгоджується з даними [10] про їх відсутність серед свиней «дикого типу» (рис. 3).

Найменшою частотою носіїв геномів ретровірусів PERV-C характеризувалися субпопуляції свиней української м'ясної породи, миргородської та породи п'єтрен. Водночас вірус PERV-C виявлено у всіх досліджених свиней в'єтнамської звислочеревої породи. Високий рівень розповсюдження цього підтипу ретровірусу спостерігали у полтавській м'ясній породи; серед свиней порід українська степова ряба, ландрас і велика біла — у половини тварин виявлено геном PERV-C. Наші дані загалом підтверджують результати, отримані іншими авторами про розповсюдження PERV-C у популяціях свиней сальних порід [7] — у в'єтнамській звислочеревій і українській степовій рябій, які належать до порід зазначеного напрямку продуктивності, частота становила 100% та 55% відповідно. Однак варто зауважити, що різниця між частотами PERV-C, які трапляються в досліджуваних субпопуляціях, не завжди статистично підтверджувалася (рис. 3).

Аналіз наявності геному вірусів PERV підтипу А в субпопуляціях свиней досліджуваних порід також виявив їх різну частоту (рис. 4). В особин, які представляють групу дикого кабана, породи ландрас і українську степову рябу, PERV-A виявляли з відносно низькою частотою, тоді як всі свині в'єтнамської звислочеревої породи були носіями цього вірусу. У полтавській м'ясній породи його частка сягала 90%, дещо меншою вона встановлена в субпопуляціях миргородської і великої білої порід. Примітно, що найменшою частотою носіїв обох підтипів вірусу характеризувалися дикі свині. Навпаки, у в'єтнамській звислочеревій породи всі тварини несли обидва геноми. Також з високими частотами траплялися віруси PERV обох підтипів у геномах тварин із субпопуляції полтавської м'ясної породи.

Загалом аналіз наявності в геномі свиней PERV вірусів підтипів С або/та А призвів до такого результату: вільні від обох підтипів вірусу тварини виявляються в усіх досліджуваних групах (табл. 2).

Найбільшу відносну кількість тварин, повністю вільних від ретровірусів обох типів, спостерігали у групі диких свиней (86%), найменшу — в групах порід полтавської м'ясної і п'єтрен. Цей результат частково узгоджується з твердженнями про те, що підвищене відкладення жиру у свійських свиней, порівняно з дикими чи ранніми domestikованими формами, є генетичною аномалією, до виникнення якої призвело порушенням структури генів кількісних ознак внаслідок вставки ретровірусу PERV [8]. Однак селекція свиней на покращення м'ясних якостей, як це впливає з результатів аналізу полтавської м'ясної породи і п'єтрен (ультрам'ясна порода), не призвела до зменшення частоти геномів ретровірусів PERV обох підтипів в їхніх популяціях [10]. Водночас в інших м'ясних породах, ландрас і українській м'ясній, частка тварин, вільних від геномів обох вірусів, значно вища і сягає 23 і 35% відповідно. Частка таких особин в українській степовій рябій породи, для якої характерна значна

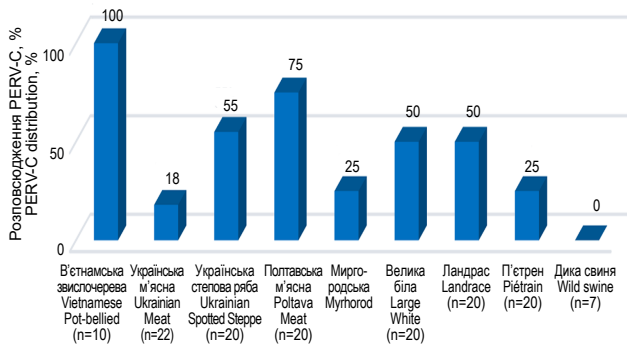


Рис. 3. Розповсюдження підтипу ретровірусу PERV-C у вибірках свиней вітчизняних та іноземних порід
Fig. 3. Distribution of PERV-C retrovirus subtype in samples of domestic and foreign pigs

Примітка. Статистично підтверджені відмінності між субпопуляціями: $P < 0,001$ — В/УМ, В/П, В/М; $P < 0,01$ — В/УСР, В/ВБ, В/Л, В/ДС, УМ/ПМ, ПМ/М, ПМ/П, ПМ/ДС; $P < 0,05$ — В/ПМ, УМ/УСР, УСР/ДС, М/ДС, ВБ/ДС, Л/ДС.
Note. Statistically significant differences between subpopulations: $P < 0,001$ — V/UM, V/P, V/M; $P < 0,01$ — V/USR, V/LW, V/L, V/W, UM/PM, PM/M, PM/P, PM/W; $P < 0,05$ — V/PM, UM/USS, USS/W, M/W, LW/W, L/W.

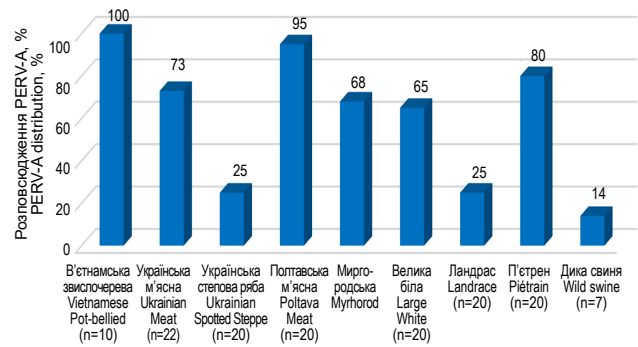


Рис. 4. Розповсюдження підтипу ретровірусу PERV-A у вибірках свиней вітчизняних і закордонних порід
Fig. 4. Distribution of PERV-A retrovirus subtype in samples of domestic and foreign breeds of pigs

Примітка. Статистично підтверджені відмінності між субпопуляціями: $P < 0,001$ — В/УСР, В/Л, УСР/ПМ, П/Л; $P < 0,01$ — В/М, В/ДС, УМ/Л, УСР/М, УСР/П, Л/П, ПМ/ДС; $P < 0,05$ — В/УМ, В/ВБ, В/П, УМ/ДС, ПМ/М, ПМ/ВБ, ВБ/Л, П/ДС.
Note. Statistically significant differences between subpopulations: $P < 0,001$ — V/USR, V/L, USS/PM, P/L; $P < 0,01$ — V/M, V/W, UM/L, USS/M, USS/P, L/P, PM/W; $P < 0,05$ — V/UM, V/LW, V/P, UM/W, PM/M, PM/LW, LW/L, P/W.

осаленість туш, перебуває на такому ж рівні (30%). Можна припустити, що до селекційного процесу, спрямованого на зменшення осаленості туш і збільшення виходу м'яса, залучені й інші локуси геному, а не лише ті, де відбулася інтеграція вірусної ДНК. Адже відомо, що ознака відкладання жиру у тварини має полігенну природу і залежить від дії багатьох генів.

Загалом наші дані вписуються у контекст гіпотези про збільшення у процесі доместикації свиней частоти виявлення особин, в геномі яких присутній ретровірус PERV. Це твердження впливає з ана-

лізу геномів особин із субпопуляцій диких свиней і низки сучасних порід. Але щодо зв'язку залежності частоти розповсюдження PERV у породах від на-пряму їхньої продуктивності і, відповідно, від характерного для породи рівня осаленості туш, отримані дані не свідчать на користь такого зв'язку. Однак це не унеможливорює його існування на індивідуальному рівні в межах окремої субпопуляції. Останнє можна перевірити, провівши асоціативний аналіз тварин, оцінених за одним із основних показників відкладання жиру — товщиною спинного жиру.

Таблиця 2. Тварини з ретровірусом PERV типів А та С
Table 2. Animals with PERV retrovirus types A and C

Породи свиней / Breeds of pigs	З обома типами / With both types		Повністю вільні / Completely free	
	Частка від загальної кількості / Part of the total	%	Частка від загальної кількості / Part of the total	%
Миргородська / Myrhorod	6/40	15	9/40	23
В'єтнамська звислочерева / Vietnamese Pot-bellied	10/10	100	0/10	—
Українська м'ясна / Ukrainian Meat	3/22	14	5/22	23
Українська степова ряба / Ukrainian Spotted Steppe	2/20	10	6/20	30
Полтавська м'ясна / Poltava Meat	15/20	75	1/20	5
Велика біла / Large White	9/20	45	6/20	30
Ландрас / Landrace	2/20	10	7/20	35
П'єтрен / Piétrain	3/20	15	1/20	5
Дика свиня / Wild swine	0/7	—	6/7	86

Таблиця 3. Корелятивний зв'язок між наявністю вірусів у геномі свиней миргородської породи і товщиною спинного жиру
Table 3. Correlation between the presence of viruses in the genome of Myrhorod pigs and the thickness of spinal fat

Присутність вірусів в геномі тварин The presence of viruses in the genome of animals	n (номер групи) n (group number)	Товщина шпику, мм Fat thickness, mm	Коефіцієнт кореляції (r) Correlation coefficient (r)
PERV-C ⁺ PERV-C ⁻	10 (I)	33,00±1,96	0,553
	30 (II)	31,97±2,57	
PERV-A ⁺ PERV-A ⁻	27 (III)	31,33±0,78	0,083
	13 (IV)	34,08±1,51	
PERV-A ⁺ чи C ⁺ PERV-A ⁻ /C ⁻	31 (V)	31,97±1,72	0,527
	9 (VI)	33,11±1,59	
PERV-A ⁺ +C ⁺	6 (VII)	30,83±1,23	0,510
PERV-A ⁻ /C ⁻	8 (VIII)	32,50±1,28	

Асоціативний аналіз проведено на групі свиней миргородської породи. Його метою було встановлення зв'язку між наявністю в геномі тварин ДНК ретровірусу PERV і товщиною спинного жиру. Результати аналізу представлені у табл. 3.

Відзначимо, що серед тварин із PERV-C товщина шпику коливалася від 26 до 45 мм у свинок родини Русалки. Серед свиней без PERV-C товщина шпику варіювала від 25 мм у тварини №1010 з родини Зорьки до 40 мм в особини №154 з родини Ласкавої. Можна відзначити значні межі варіювання досліджуваної ознаки навіть в межах однієї родини, що свідчить про формальне зарахування тварин до певної родини і відсутність спрямованої селекції всередині генеалогічних родин та їхню генетичну гетерогенність.

Аналіз асоціації товщини шпику у тварин миргородської породи з присутністю в їх геномі PERV-C, PERV-A не виявив статистично підтверджених результатів. Можна говорити лише про певну тенденцію до такої асоціації щодо PERV-A. У цьому випадку свині, в геномі яких відсутній PERV-A, характеризувалися більшою товщиною шпику. Можливо, за збільшення кількості дослідних тварин цей зв'язок матиме статистичне підтвердження. Але це суперечить припущенню про позитивний зв'язок між присутністю в геномі вірусу і рівнем осаленості туші.

Отримані нами результати дослідження підтверджують гіпотезу про збільшення товщини шпику у процесі доместикації свиней, у геномі яких присутній ретровірус PERV. Інтеграція останнього стала причиною мутації в QTL жировідкладання, що призвело до збільшення осаленості туш і ця ознака могла бути підхоплена селекцією в процесі створення порід. Однак очевидного зв'язку розповсюдження вірусу в сучасних породах різного напрямку продуктивності не встановлено. Також відсутній зв'язок між одним з основних показників осаленості туші і присутністю в геномі особини ДНК PERV.

Висновки

Встановлене розповсюдження PERV двох підтипів у породах свиней, яких розводять в Україні, надає інформацію про можливість і доцільність використання кожної з них для потреб ксенотрансплантації. З іншого боку, ця інформація може лягти в основу підбору порід-засновників для створення ліній свиней, вільних від геному ендогенного ретровірусу. Крім того, відсутність або незначне розповсюдження PERV у популяціях диких свиней і в аборигенних породах є додатковим важливим аргументом на користь їх збереження і використання.

Перспективи подальших досліджень

У наступних дослідках плануємо вивчити імуні-генетичні і молекулярні характеристики інших порід свиней, яких розводять в Україні, для визначення можливості їх використання для ксенотрансплантації.

Дотримання етичних стандартів

Всіх міжнародних, національних і/або інституційних принципів догляду та використання тварин було дотримано.

- Guo F, Xing X, Hawthorne WJ, Dong Q, Ye B, Zhang J, Liang Q, Nie W, Wang W. Characterization of PERV in a new conserved pig herd as potential donor animals for xenotransplantation in China. *Virology*. 2014; 11: 212. DOI: 10.1186/s12985-014-0212-1.
- Harrison I, Takeuchi Y, Bartosch B, Stoye JP. Determinants of high titer in recombinant porcine endogenous retroviruses. *J. Virol.* 2004; 78 (24): 13871–13879. DOI: 10.1128/JVI.78.24.13871-13879.2004.
- Hering BJ, Cooper DK, Cozzi E, Schuurman HJ, Korbitt GS, Denner J, O'Connell PJ, Vanderpool HY, Pierson RN. The inter-

- national xenotransplantation association consensus statement on conditions for undertaking clinical trials of porcine islet products in type 1 diabetes-executive summary. *Xenotransplantation*. 2009; 16 (4): 196–202. DOI: 10.1111/j.1399-3089.2009.00547.x.
- Hlazko VY, Shulha EV, Dyman TN, Hlazko HV. *DNA technologies and bioinformatics in solving the problems of mammalian biotechnology*. Bila Tserkva, 2001: 488 p. (in Russian)
 - Kimisa MC, Strzalka-Mrozik B, Kimisa MW, Gola J, Nicholson P, Lopata K, Mazurek U. Porcine endogenous retroviruses in xenotransplantation — molecular aspects. *Viruses*. 2014; 6 (5): 2062–2083. DOI: 10.3390/v6052062.
 - Lin CL, Ponsuksili S, Tholen E, Jennen DG, Schellander K, Wimmers K. Candidate gene markers for sperm quality and fertility of boar. *Anim. Reprod. Sci.* 2006; 92 (3–4): 349–363. DOI: 10.1016/j.anireprosci.2005.05.023.
 - Nikitin SV, Yudin NS, Knyazev SP, Aitnazarov RB, Bekenev VA, Deeva VS, Goncharenko GM, Kobzev VF, Savina MA, Ermolaev VI. Differentiation of wild boar and domestic pig populations based on the frequency of chromosomes carrying endogenous retroviruses. *Nat. Sci.* 2010; 2 (6): 527–534. DOI: 10.4236/ns.2010.26066.
 - Nikitin SV, Yudin NS, Knyazev VA, Aytazarov RB, Kobzev VF, Bekenev VA, Savina MA, Yermolaev VI. Frequency of chromosomes carrying endogenous retroviruses in the populations of domestic pig and wild boar. *Russ. J. Gen.* 2008; 44 (6): 686–693. DOI: 10.1134/S1022795408060082. (in Russian)
 - Walsh PS, Metzger DA, Higuchi R. Chelex-100 as a medium for extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *BioTechniques*. 1991; 10 (4): 506–513. Available at: <https://www.future-science.com/doi/10.2144/000114018>
 - Yudyn NS, Aitnazarov RB, Ermolaev VY. Endogenous retrovirus in pigs: how high is the risk of infection with xenotransplantation? *Vavilov J. Gen. Breed.* 2011; 15 (2): 340–350. Available at: http://www.bionet.nsc.ru/vogis/pict_pdf/2011/15_2/13.pdf (in Russian)

Endogenic retroviruses of PERV A/C in genome of Ukrainian pigs and their relationship with the level of fat in carcasses

T. M. Ryk
tanya.ryk.77@gmail.com

Andrei Krupynskyi Lviv Medical Academy,
70 Petro Doroshenko str., Lviv, 79000, Ukraine

The article presents the analysis of the PERV retrovirus subtypes A and C frequency in populations of Ukrainian and foreign breed pigs. Different frequencies of the PERV A/C genome presence in animals of the studied breeds were established. The largest relative number was observed in the group of wild pigs (86%), the smallest was in the groups of Poltava meat and Piétrain breeds. Animals free of both virus subtypes were found in all study groups. The article considers the hypothesis of an increase in the frequency of PERV retrovirus in the pigs' genome during domestication. Its integration caused a gene mutation responsible for fat deposition which led to increased fat amount in carcasses and could be picked up by selection in the process of creating breeds. However, there is no obvious link between the spread of the virus in modern breeds in different areas of productivity. Also, there is no association between carcass fat amount and the presence of PERV in the genome. It is established that the information on the PERV A/C distribution in pig breeds hold in Ukraine is useful in terms of the possibility of using each of them for xenotransplantation. Also, this information can be used to justify the selection of founding breeds in order to create lines of pigs free from the endogenous retrovirus genome.