

БИОРАЗНООБРАЗИЕ СВИНЕЙ РАЗЛИЧНЫХ ПОРОД НА ОСНОВЕ АНАЛИЗА D-ПЕТЛИ мтДНК

(✉) Колосова М.А.¹, Гетманцева Л.В.², Бакоев Н.Ф.³, Костюнина О.В.³

¹Донской государственный аграрный университет

Ростовская область, п. Персиановский, Россия

²Центр стратегического планирования и управления медико-биологическими рисками
здоровью Федерального медико-биологического агентства Российской Федерации
Москва, Россия

³Федеральный исследовательский центр животноводства им. академика Л.К. Эрнста
Московская область, ГО Подольск, п. Дубровицы, Россия

(✉) e-mail: m.leonovaa@mail.ru

Полиморфизм митохондриальной ДНК, представляющий собой один из наиболее распространенных генетических маркеров, активно применяется при изучении различных видов животных. Так как в пределах того или иного вида митохондриальный геном развивался на протяжении многих лет, это повлияло на фиксацию мутаций и образование митохондриальных линий, имеющих общее происхождение и формирующих митохондриальные геномы, называемые гаплогруппами мтДНК. Целями работы являлись оценка генетического разнообразия свиней двух материнских пород отечественной репродукции на основании анализа полиморфизма D-петли мтДНК, а также сравнение полученных результатов с идентичными последовательностями из базы данных NCBI в разрезе пород и их географического распространения. Были изучены 39 свиней породы ландрас и 49 – крупной белой породы. Митохондриальную ДНК выделяли из образцов тканей (ушной выщип). Для оценки генетического разнообразия определяли количество гаплотипов, гаплотипическое и нуклеотидное разнообразие, среднее число замен нуклеотидов на сайт. Обнаружено 23 полиморфных участка: 21 – у свиней породы ландрас, 17 – у представителей породы крупная белая. Всего в исследуемой популяции выявлено десять гаплотипов. В базе данных NCBI найдено 75 идентичных последовательностей, характерных для свиней различных пород, разводимых в разных странах мира. После определения нуклеотидных последовательностей фрагмента D-петли мтДНК свиней пород ландрас и крупная белая отечественной репродукции и их сравнения с последовательностями из базы данных NCBI было установлено наличие идентичных последовательностей у изучаемых нами животных и представителей европейских и азиатских пород, в том числе коммерческих и локальных. Полученные материалы показывают, что оценка полиморфизма мтДНК способствует идентификации филогенетических связей между популяциями, отслеживанию пороодообразовательных процессов и может быть рассмотрена как дополнительный критерий селекционно-племенной работы.

Ключевые слова: генетические маркеры, генетика, свиньи, мтДНК

BIODIVERSITY OF PIGS OF VARIOUS BREEDS BASED ON THE ANALYSIS OF mtDNA D-LOOP

(✉) Kolosova M.A.¹, Getmantseva L.V.², Bakoev N.F.³, Kostyunina O.V.³

¹Don State Agrarian University

Persianovsky settlement, Rostov region, Russia

²Centre for Strategic Planning and Management of Biomedical Health Risks of the Federal Medical
Biological Agency of the Russian Federation
Moscow, Russia

³L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry

Dubrovitsy settlement, Podol'sk, Moscow region, Russia

(✉) e-mail: m.leonovaa@mail.ru

Mitochondrial DNA polymorphism, which is one of the most common genetic markers, is actively used in the study of various animal species. Since the mitochondrial genome has evolved over many years within a species, this has influenced the fixation of mutations and the formation of

mitochondrial lineages that share a common origin and form mitochondrial genomes, called mtDNA haplogroups. The objectives of the work were to evaluate the genetic diversity of pigs of two maternal breeds of domestic reproduction based on the analysis of mtDNA D-loop polymorphism and to compare the results obtained with identical sequences from the NCBI database by breed and their geographic distribution. 39 Landrace pigs and 49 Large White pigs were used for the study. MtDNA was isolated from tissue samples (ear notch). The number of haplotypes, haplotypic and nucleotide diversity, and the average number of nucleotide substitutions per site were determined to assess the genetic diversity. 23 polymorphic sites were found: 21 in Landrace pigs, 17 in Large White pigs. A total of ten haplotypes were identified in the study population. The NCBI database found 75 identical sequences for pigs of different breeds bred around the world. After determining the nucleotide sequences of the D-loop fragment of the mtDNA of Landrace and Large White pigs of domestic reproduction and comparing them with the sequences from the NCBI database, the presence of identical sequences in the animals we studied and in the representatives of European and Asian breeds, including commercial and local was established. The materials obtained show that the assessment of mtDNA polymorphism contributes to the identification of phylogenetic relationships between populations, tracing of pedigree processes, and can be considered as an additional criterion of selection and breeding work.

Keywords: genetic markers, genetics, pigs, mtDNA

Для цитирования: Колосова М.А., Гетманцева Л.В., Бакоев Н.Ф., Костюнина О.В. Биоразнообразие свиней различных пород на основе анализа D-петли мтДНК // Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. 2023. Т. 53. № 4. С. 93–100. <https://doi.org/10.26898/0370-8799-2023-4-10>

For citation: Kolosova M.A., Getmantseva L.V., Bakoev N.F., Kostyunina O.V. Biodiversity of pigs of various breeds based on the analysis of mtDNA D-loop. *Sibirskii vestnik sel'skokhozyaistvennoi nauki* = *Siberian Herald of Agricultural Science*, 2023, vol. 53, no. 4, pp. 93–100. <https://doi.org/10.26898/0370-8799-2023-4-10>

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interest

The authors declare no conflict of interest.

Благодарность

Исследования выполнены за счет средств государственного задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации.

Acknowledgements

The research was carried out at the expense of the state assignment of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation.

ВВЕДЕНИЕ

Полиморфизм митохондриальной ДНК (мтДНК) как один из наиболее распространенных генетических маркеров широко используется при изучении разных видов животных. Это обусловлено материнским характером наследования и высокой частотой встречаемости мутационных процессов. Митохондриальная ДНК относится к цитоплазматической наследственности и не подвержена рекомбинации. В рамках того или иного вида митохондриальный геном раз-

вивался на протяжении многих лет, что повлияло на фиксацию мутаций и образование различных митохондриальных линий, имеющих общее происхождение и формирующих митохондриальные геномы, называемые гаплогруппами мтДНК. Гаплотипы мтДНК не только наделяют организм достоинствами и недостатками^{1, 2} (например, влияют на рост и физическую работоспособность животных, адаптацию к теплоте и холодному климату, подвижность сперматозоидов), но и определяют такие важные с экономи-

¹Alves P.C., Pinheiro I., Godinho R., Vicente J., Gortazar C., Scandura M. Genetic diversity of wild boar populations and domestic pig breeds (*Sus scrofa*) in South-Western Europe // *Biological Journal of the Linnean Society*. 2010. Vol. 101. N 4. P. 797–822.

²Alves E., Ovílo C., Rodríguez M.C., Silio L. Mitochondrial DNA sequence variation and phylogenetic relationships among Iberian pigs and other domestic and wild pig populations // *Animal Genetics*. 2003. Vol. 34. N 5. P. 319–324.

ческой точки зрения характеристики, как качество молока [1]. Более того, показано, что линии эмбриональных стволовых клеток разных гаплотипов мтДНК, имеющие идентичную ядерную ДНК, характеризуются различным уровнем экспрессии генов при дифференцировке клеток [2], что может быть обусловлено влиянием мтДНК на реализацию фенотипа.

В настоящее время у свиней выделяют азиатские (А, В и С) и европейские (D и E) гаплогруппы. Породы свиней, выведенные в Китае, Корее и Японии, в значительной степени схожи друг с другом, но существенно отличаются от свиней европейского типа. Коммерческие породы европейского происхождения, такие как ландрас, крупная белая, дюрок, разводят повсеместно, а их мтДНК может относиться к азиатскому или неазиатскому типу в зависимости от происхождения и дальнейшего совершенствования отдельными селекционными центрами.

Для отечественной селекции особый интерес представляют исследования мтДНК свиней из племенных хозяйств Российской Федерации. В связи с этим целями нашей работы являлись оценка генетического разнообразия свиней двух материнских пород отечественной репродукции на основании анализа полиморфизма D-петли мтДНК и сравнение полученных материалов с идентичными последовательностями из базы данных Национального центра биотехнологической информации (NCBI) в разрезе пород и их географического распространения.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Исследования проводили на свиньях пород ландрас ($n = 39$) и крупная белая ($n = 49$) отечественной репродукции. ДНК выделяли из образцов ткани с помощью набора реагентов «К-Сорб-100» (Синтол, Россия). Участок D-петли (1046 п. н.) амплифицировали методом ПЦР с использованием праймеров FW 5'-TGCAAACCAAAACGCCAAGT-3' и RW 3'-TTTTTGGGGTTTGGCAAGGC-5'. Очистку вырезанных из геля фрагментов осуществляли с помощью набора Cleanup Mini (Евроген, Россия). Секвенирование произ-

водили посредством аутсорсинга в компании «Евроген». Редактирование и выравнивание последовательностей выполняли в программах BioEdit 7.2.6 и MEGA 7. Гаплотипы мтДНК условно обозначали как Нар. Число гаплотипов (H), гаплотипическое (HD) и нуклеотидное разнообразие (π) и среднее число замен нуклеотидов на сайт (k) определяли с помощью DnaSP 5.10. Расчеты и построение дерева осуществляли методом максимального правдоподобия. Последовательность № NC000845 (NCBI) считалась эталонной. Сиквенсы относили к тем или иным гаплогруппам на основе сопоставления с последовательностями известных гаплогрупп из базы данных NCBI (A-KT279758, B-KT261429, C-KT279759, D-KT279760, E-KT261430).

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

В процессе исследований были определены нуклеотидные последовательности переменного фрагмента D-петли мтДНК 88 образцов ткани свиней пород ландрас и крупная белая. Для дальнейшего анализа использовали фрагмент размером 638 п. н., расположенный в диапазоне 87–724 п. н., согласно эталонной последовательности. В табл. 1 представлены параметры генетического разнообразия изучаемых групп свиней.

Гаплотипическое разнообразие по породе ландрас фиксировалось на уровне 0,839, породе крупная белая – 0,041 (см. табл. 1). У свиней породы ландрас отмечено большее количество нуклеотидных замен ($k = 8,640$) по сравнению со свиньями крупной белой породы ($k = 0,735$). Среднее значение нуклеотидного разнообразия составило 0,013 (преимущественно за счет породы ландрас).

Табл. 1. Генетическое разнообразие свиней пород ландрас и крупная белая

Table 1. Genetic diversity of Landrace and Large White pigs

Порода	N	S	H	HD	k	π
Ландрас	39	21	9	0,839	8,640	0,0139
Крупная белая	49	18	2	0,041	0,735	0,0012
В среднем	88	23	10	0,674	8,328	0,0134

В исследуемой группе было обнаружено 23 мутации, из них 21 – у представителей породы ландрас, 17 – у свиней крупной белой породы. Всего выявлено десять гаплотипов (см. табл. 2).

Из 49 свиней крупной белой породы 48 имели гаплотип Нар-10, и только у одной особи зафиксирован гаплотип Нар-9. Представители породы ландрас показали большее генетическое разнообразие: у них выявлено восемь гаплотипов, самыми частотными оказались Нар-1 и Нар-4 (см. рисунок).

Принадлежность идентифицированных гаплотипов к гаплогруппам А, С, D, Е показана на филогенетическом дереве (см. рисунок). Особи, принадлежащие к гаплогруппе В, не обнаружены.

Поиск идентичных последовательностей в базе данных NCBI позволил выявить 75 сиквенсов, принадлежащих представителям различных пород (см. табл. 3). Из них

30 относились к гаплотипу Нар-10, зафиксированному нами у свиней крупной белой породы. Ранее две последовательности были обнаружены у дикого азиатского кабана, 27 – у свиней азиатских пород^{3, 4} [1–9], одна – у представителя крупной белой породы испанского происхождения (см. сноску 2). Особи азиатского происхождения с Нар-10 относились к локальным китайским породам [2, 5, 6, 8, 9]. Также этот гаплотип встречался у свиней пород монг-кай [4, 8] и кун-кун, разводимых в Новой Зеландии.

По данным NCBI, идентичные Нар-1 гаплотипы идентифицированы у свиней пород ландрас и дюрок, разводимых в Австралии [1] и Японии⁵, свиней иберийской породы (см. сноску 2) и французского дикого кабана (см. сноску 1). Последовательности, идентичные гаплотипу Нар-2, обнаружены у дикого кабана (см. сноску 2) и мангалицы [10]. Носители гаплотипа Нар-5 схожи со

Табл. 2. Гаплотипы свиней пород ландрас и крупная белая

Table 2. Haplotypes in Landrace and Large White pigs

n	Гап- лотип	Мутация																						
		109	124	131	145	153	158	180	185	241	248	279	294	306	323	390	405	452	560	575	640	692	704	706
Ландрас																								
9	1Н	T	T	G	C	C	A	C	T	T	G	C	A	C	C	C	T	C	T	A	C	G	A	A
2	2Н	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	A	—	—
5	3Н	—	—	—	—	—	—	T	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	G	—	A	—	—
11	4Н	C	A	A	T	T	G	—	—	C	—	T	G	T	T	T	—	—	C	G	—	A	G	G
2	5Н	—	—	—	—	—	—	—	C	—	A	—	—	—	T	—	—	—	—	—	—	—	—	—
6	6Н	—	A	—	—	—	—	T	—	—	—	—	—	—	T	—	—	—	—	—	T	—	—	—
2	7Н	—	—	—	—	—	—	T	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
2	8Н	—	—	—	—	—	—	T	—	—	—	T	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
Крупная белая																								
1	9Н	C	A	A	T	T	G	—	—	C	—	T	G	T	T	T	—	—	C	G	—	A	—	—
48	10Н	C	A	A	T	T	G	—	—	C	—	—	G	T	T	T	—	—	—	G	—	—	G	G

Примечание. Позиции указаны в соответствии с последовательностью № NC000845.

³Wang J., Guo J., Hao X., Hu H., Lin H., Zhang Y., Wang C., Wu Y. Phylogenetic Relationships of Pig Breeds from Shandong Province of China and Their Influence by Modern Commercial Breeds by Analysis of Mitochondrial DNA Sequences // Italian Journal of Animal Science. 2010. Vol. 9. N 2. e48. P. 248–254.

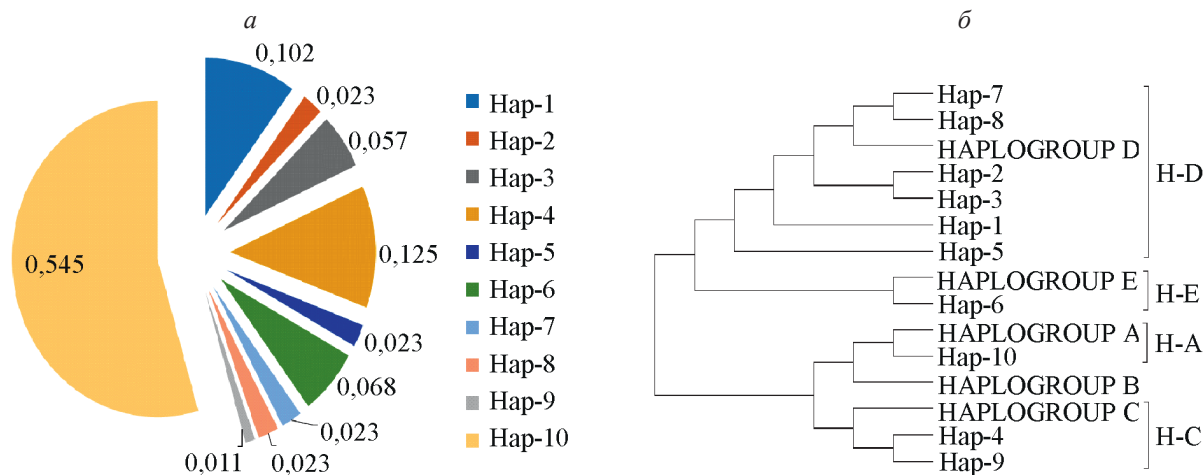
⁴Larson G., Dobney K., Albarella U., Fang M., Matisoo-Smith E., Robins J., Lowden S., Finlayson H., Brand T., Willerslev E., Rowley-Conwy P., Andersson L., Cooper A. Worldwide phylogeography of wild boar reveals multiple centers of pig domestication // Science. 2005. Vol. 307. N 5715. P. 1618–1621.

⁵Okumura N., Ishiguro N., Nakano M., Hirai K., Matsui A., Sahara M. Geographic population structure and sequence divergence in the mitochondrial DNA control region of the Japanese wild boar (*Sus scrofa leucomystax*), with reference to those of domestic pigs // Biochemical Genetics. 1996. Vol. 34. N 5-6. P. 179–189.

Табл. 3. Идентичные гаплотипы из базы данных NCBI

Table 3. Identical haplotypes from the NCBI database

Гапло-тип	Номер в NCBI	Порода	Страна	Гапло-тип	Номер в NCBI	Порода	Страна
Нар-1	KT279760	Коммерческие	Австралия	Нар-8	KF569218	F2	Вьетнам
Нар-1	FJ236997	Дюрок	Испания	Нар-8	KC250275	Крупная белая	Китай
Нар-1	AM040631	»	Тайвань	Нар-8	FJ236996	Дюрок	Испания
Нар-1	AM040613	Ландрас	»	Нар-8	EU660148	»	Китай
Нар-1	AM040615- AM040620	»	»	Нар-9	Последовательности Нар-9 отсутствуют		
Нар-1	D42170	Коммерческие	Япония	Нар-10	MG250567	Юдонг черный	Китай
Нар-1	NM747198	Дикий кабан	Португалия	Нар-10	MG250564	Вужичан	»
Нар-1	AY232858	Иберийская	Испания	Нар-10	MG250562	Вужичан	»
Нар-2	KJ746666	Мангалица	Китай	Нар-10	MG250556	Тунчанг	»
Нар-2	NM747198	Дикий кабан	Франция	Нар-10	MG250532	Гуйжонг	»
Нар-2	JN601068	Мангалица	США	Нар-10	MG250529	Гуйжонг	»
Нар-3	Последовательности Нар-3 отсутствуют			Нар-10	MG250518	Бамаксянг	»
Нар-4	EU979134	Дапулиан	Китай	Нар-10	KF913287	Кванбайхай	»
Нар-5	EU660147	Ландрас	»	Нар-10	KF913276	Цунцзянсян	»
Нар-5	MN113791	Йоркшир и ландрас	»	Нар-10	KF913275	Цунцзянсян	»
Нар-5	AB041499	Ландрас	Япония	Нар-10	KF913271	Цунцзянсян	»
Нар-6	Последовательности Нар-6 отсутствуют			Нар-10	KF913253	Байкси	»
Нар-7	KC469587	Пьетрен	Китай	Нар-10	KF913252	Байкси	»
Нар-7	EU660181	Йоркшир	»	Нар-10	KX982643	Дикий кабан	Вьетнам
Нар-7	EU660154	Дюрок	»	Нар-10	KX982646	» »	»
Нар-7	EU660151	»	»	Нар-10	KX982647	» »	»
Нар-7	EU660150	»	»	Нар-10	KX982651	» »	»
Нар-7	EU660140	Ландрас	»	Нар-10	KX982652	» »	»
Нар-7	AF034253	»	Тайвань	Нар-10	KX147100	Монг-чай	»
Нар-7	D16483	»	Япония	Нар-10	KU556691	Монг-чай	Китай
Нар-7	AM040625- AM040629	Дюрок	Тайвань	Нар-10	KT279758	Крупная белая	Австралия
Нар-7	AM040612	Ландрас	»	Нар-10	KP681243	Вужичан	Китай
Нар-7	AM040614	»	»	Нар-10	KM094194	Санду черный	»
Нар-7	AM040619	»	»	Нар-10	KF767443	Вужичан	»
Нар-7	AM040621	»	»	Нар-10	KC250274	Лантанг	»
Нар-7	AM040622	»	»	Нар-10	FM244684	Дикий кабан	Таиланд
Нар-7	NM747216	Бисаро	Португалия	Нар-10	FM244685	» »	»
Нар-7	AY232856	Иберийская	Испания	Нар-10	EU979182	Чангвай белый	Китай
Нар-7	GQ169779	Дюрок	Тайвань	Нар-10	AY884824	Кун-кун	Велико- британия
Нар-7	AB041494	Крупная белая	Япония	Нар-10	AY232882	Крупная белая	Испания



Частота встречаемости гаплотипов мтДНК (а) и их распределение в соответствии с гаплогруппами А, В, С, D, Е (б)

Frequencies of mtDNA haplotypes in the studied pigs (a). Distribution of haplotypes according to haplogroup A, B, C, D, E (b)

свиньями породы ландрас китайского⁶, канадского [11] и японского происхождения⁷. Гаплотип Hap-8 зафиксирован у свиней породы дюрк в Испании⁸ и Китае (см. сноску 3) [4], а также у представителей крупной белой породы в Китае [3]. Установлено, что дивергенция европейских и азиатских пород свиней на основании различий мтДНК появилась задолго до их domestikации [12]. Свиньи и кабаны из Китая, Кореи и Японии демонстрируют тесные связи между собой и значительно отличаются от европейских свиней по материнской линии [3].

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В результате исследований определены нуклеотидные последовательности наиболее варибельного фрагмента D-петли мтДНК свиней пород ландрас и крупная белая. Сравнение этих последовательностей с депонированными в базе данных NCBI вариантами показало наличие идентичных

последовательностей среди свиней различных пород азиатского и европейского происхождения. Таким образом, оценка полиморфизма мтДНК способствует идентификации филогенетических связей между популяциями, отслеживанию породообразовательных процессов и может быть рассмотрена как дополнительный критерий в селекционно-племенной работе.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Tsai T.S., Rajasekar S., St John J.C. The relationship between mitochondrial DNA haplotype and the reproductive capacity of domestic pigs (*Sus scrofa domestica*) // BMC Genetics. 2016. Vol. 17. N 67. P. 1–17. DOI: 10.1186/s12863-016-0375-4.
2. Wang L.Y., Xu D., Ma H.M. The complete sequence of the mitochondrial genome of Sandu black pig (*Sus Scrofa*) // Mitochondrial DNA Part A. 2016. Vol. 27. N 3. P. 1789–1790. DOI: 10.3109/19401736.2014.963814.

⁶Wu Y., Wang J., Guo J., Hao X., Hu H., Lin H., Zhang Y., Wang C. Phylogenetic relationships of pig breeds from Shandong province of China and their influence by modern commercial breeds by analysis of mitochondrial DNA sequences // Italian Journal of Animal Science. 2010. Vol. 9. N 2. P. 248–254.

⁷Watanabe T., Ishiguro N., Okumura N., Nakano M., Matsui A., Hongo H., Ushiro H. Ancient mitochondrial DNA reveals the origin of *Sus scrofa* from Reibun Island, Japan // Journal of Molecular Evolution. 2001. Vol. 52. N 3. P. 281–289.

⁸Alves E., Fernández A., Fernández-Rodríguez A., Pérez-Montarelo D., Benítez R., Óvilo C., Rodríguez C., Silió L. Identification of mitochondrial markers for genetic traceability of European wild boars and Iberian and Duroc pigs // Animal. 2009. Vol. 3. N 9. P. 1216–1223.

3. Yu G., Xiang H., Wang J., Zhao X. The phylogenetic status of typical Chinese native pigs: analyzed by Asian and European pig mitochondrial genome sequences // *Journal of Animal Science and Biotechnology*. 2013. Vol. 4. N 1. P. 9. DOI: 10.1186/2049-1891-4-9.
4. Xu D., He C.Q., He J., Yang H., Ma H.M. The complete mitochondrial genome of Mong Cai pig (*Sus scrofa*) in Vietnam // *Mitochondrial DNA Part B*. 2016. Vol. 1. N 1. P. 226–227. DOI: 10.1080/23802359.2016.1155424.
5. Wang C., Chen Y.-S., Han J.-L., Mo D.-L., Li X.-J., Liu X.-H. Mitochondrial DNA diversity and origin of indigenous pigs in South China and their contribution to western modern pig breeds // *Journal of Integrative Agriculture*. 2019. Vol. 18. N 10. P. 2338–2350. DOI: 10.1016/S2095-3119(19)62731-0.
6. Ding M., Chen X., Xu H., Wu T., Feng W., Bai L. Phylogenetic Analysis of Three Domestic Pig Breeds in Guizhou Province (J) // *Biotechnology Bulletin*. 2014. N 4. P. 96–101.
7. Chen J., Ni P., Tran Thi T.N., Kamaldinov E.V., Petukhov V.L., Han J., Liu X., Šprem N., Zhao S. Selective constraints in cold-region wild boars may defuse the effects of small effective population size on molecular evolution of mitogenomes // *Ecology and Evolution*. 2018. Vol. 8. N 16. P. 8102–8114. DOI: 10.1002/ece3.4221.
8. Vo T.T., Nguyen H.D., Bui T., Le B.T., NghiêM M., Nong H. Phylogenomic Analysis and Gene Organization of Mitogenome from Mong Cai Pig in Vietnam // *Current Science*. 2019. Vol. 116. N 9. P. 1566–1571. DOI: 10.18520/cs/v116/i9/1566-1571.
9. Chai Y.L., Xu D., Ma H.M. The complete sequence of mitochondrial genome of Wuzhishan pig (*Sus Scrofa*) // *Mitochondrial DNA A DNA Mapp Seq Anal*. 2016. Vol. 27. N 1. P. 94–95. DOI: 10.3109/19401736.2013.873919.
10. Cannon M.V., Brandebourg T.D., Kohn M.C., Ethikic D., Irwin M.H., Pinkert C.A. Mitochondrial DNA sequence and phylogenetic evaluation of geographically disparate *Sus scrofa* breeds // *Animal Biotechnology*. 2015. Vol. 26. N 1. P. 17–28. DOI: 10.1080/10495398.2013.875474.
11. Xin C., Gao X.C., Quan J.-Q., Ma L.-L., Chen Y.H. Maternal Genetic Structure Analysis of Experimental SPF Yorkshire (*Sus scrofa*) and Landrace Population // *Journal of Agricultural Biotechnology*. 2019. Vol. 27. N 1. P. 97–107. DOI: 10.3969/j.issn.1674-7968.2019.01.011.
12. Laxmivandana R., Vashi Y., Kalita D., Banik S., Sahoo N.R., Naskar S. Genetic diversity in mitochondrial DNA D-loop region of indigenous pig breeds of India // *Journal of Genetics*. 2022. Vol. 101. N 5. P. 1–5. DOI: 10.1007/s12041-021-01353-8.

REFERENCES

1. Tsai T.S., Rajasekar S., St John J.C. The relationship between mitochondrial DNA haplotype and the reproductive capacity of domestic pigs (*Sus scrofa domestica*). *BMC Genetics*, 2016, vol. 17, no. 67, pp. 1–17. DOI: 10.1186/s12863-016-0375-4.
2. Wang L.Y., Xu D., Ma H.M. The complete sequence of the mitochondrial genome of Sandu black pig (*Sus Scrofa*). *Mitochondrial DNA Part A*, 2016, vol. 27, no. 3, pp. 1789–1790. DOI: 10.3109/19401736.2014.963814.
3. Yu G., Xiang H., Wang J., Zhao X. The phylogenetic status of typical Chinese native pigs: analyzed by Asian and European pig mitochondrial genome sequences. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 2013, vol. 4, no. 1, p. 9. DOI: 10.1186/2049-1891-4-9.
4. Xu D., He C.Q., He J., Yang H., Ma H.M. The complete mitochondrial genome of Mong Cai pig (*Sus scrofa*) in Vietnam. *Mitochondrial DNA Part B*, 2016, vol. 1, no. 1, pp. 226–227. DOI: 10.1080/23802359.2016.1155424.
5. Wang C., Chen Y.-S., Han J.-L., Mo D.-L., Li X.-J., Liu X.-H. Mitochondrial DNA diversity and origin of indigenous pigs in South China and their contribution to western modern pig breeds. *Journal of Integrative Agriculture*, 2019, vol. 18, no. 10, pp. 2338–2350. DOI: 10.1016/S2095-3119(19)62731-0.
6. Ding M., Chen X., Xu H., Wu T., Feng W., Bai L. Phylogenetic Analysis of Three Domestic Pig Breeds in Guizhou Province (J). *Biotechnology Bulletin*, 2014, no. 4, pp. 96–101.
7. Chen J., Ni P., Tran Thi T.N., Kamaldinov E.V., Petukhov V.L., Han J., Liu X., Šprem N., Zhao S. Selective constraints in cold-region wild boars may defuse the effects of small effective population size on molecular evolution of mitogenomes. *Ecology and Evolution*, 2018, vol. 8, no. 16, pp. 8102–8114. DOI: 10.1002/ece3.4221.

8. Vo T.T., Nguyen H.D., Bui T., Le B.T., NghiêM M., Nong H. Phylogenomic Analysis and Gene Organization of Mitogenome from Mong Cai Pig in Vietnam. *Current Science*, 2019, vol. 116, no. 9, pp. 1566–1571. DOI: 10.18520/cs/v116/i9/1566-1571.
9. Chai Y.L., Xu D., Ma H.M. The complete sequence of mitochondrial genome of Wuzhishan pig (*Sus Scrofa*). *Mitochondrial DNA A DNA Mapp Seq Anal*, 2016, vol. 27, no. 1, pp. 94–95. DOI: 10.3109/19401736.2013.873919.
10. Cannon M.V., Brandebourg T.D., Kohn M.C., Ethikic D., Irwin M.H., Pinkert C.A. Mitochondrial DNA sequence and phylogenetic evaluation of geographically disparate *Sus scrofa* breeds. *Animal Biotechnology*, 2015, vol. 26, no. 1, pp. 17–28. DOI: 10.1080/10495398.2013.875474.
11. Xin C., Gao X.C., Quan J.-Q., Ma L.-L., Chen Y.H. Maternal Genetic Structure Analysis of Experimental SPF Yorkshire (*Sus scrofa*) and Landrace Population. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2019, vol. 27, no. 1, pp. 97–107. DOI: 10.3969/j.issn.1674-7968.2019.01.011.
12. Laxmivandana R., Vashi Y., Kalita D., Banik S., Sahoo N.R., Naskar S. Genetic diversity in mitochondrial DNA D-loop region of indigenous pig breeds of India. *Journal of Genetics*, 2022, vol. 101, no. 5, pp. 1–5. DOI: 10.1007/s12041-021-01353-8.

ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ

✉ **Колосова М.А.**, кандидат сельскохозяйственных наук, доцент; **адрес для переписки:** Россия, 346493, Ростовская область, п. Персиановский, ул. Кривошлыкова, 24; e-mail: m.leonovaa@mail.ru

Гетманцева Л.В., доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник

Бакоев Н.Ф., кандидат сельскохозяйственных наук, младший научный сотрудник

Костюнина О.В., доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник

AUTHOR INFORMATION

✉ **Maria A. Kolosova**, Candidate of Science in Agriculture, Associate Professor; **address:** 24, Krivoslykova St., Persianovsky settl., Rostov Region, 346493, Russia; e-mail: m.leonovaa@mail.ru

Lubov V. Getmantseva, Doctor of Science in Biology, Lead Researcher

Nekruz F. Bakoev, Candidate of Science in Agriculture, Junior Researcher

Olga V. Kostyunina, Doctor of Science in Biology, Lead Researcher

Дата поступления статьи / Received by the editors 28.09.2022

Дата принятия к публикации / Accepted for publication 18.10.2022

Дата публикации / Published 22.05.2023