

**МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНИЙ СТАТУС СВИНЕЙ РІЗНИХ ПОРІД,
ПРИДАТНИХ ДЛЯ ВИКОРИСТАННЯ У КСЕНОТРАНСПЛАНТАЦІЇ**Т. М. РИК, <https://orcid.org/0000-0003-4860-9109>*Львівська медична академія імені Андрея Крупинського*E-mail: tanya.ryk/77@gmail.com[https://doi.org/10.31548/dopovid.2\(108\).2024.003](https://doi.org/10.31548/dopovid.2(108).2024.003)

Анотація. Тисячі людей в Україні та світі потребують трансплантації органів. Проте, головною перешкодою до ширшого застосування трансплантації залишається дефіцит донорських органів та тканин. Для запобігання зараженню людей вірусами під час трансплантації органів свиней ретельно обстежують на наявність ретровірусів PERV та відбирають тварин із низькими рівнями експресії PERV-A та PERV-C. Стаття присвячена обговоренню отриманих результатів досліджень частоти ретровірусу PERV типів А і С у популяціях українських порід свиней. Дослідження здійснені на вибірках свиней порід: миргородська, велика біла, полтавська м'ясна, українська м'ясна, українська степова ряба, ландрас, п'єтрєн, в'єтнамська вислобрюха, та дика свиня. Для молекулярно-генетичного аналізу використані зразки біоматеріалу (венозна кров, щетина з волосяними цибулинами). Виділення геномної ДНК зі зразків здійснювали сольовим методом та з використанням йоннообмінної смоли «Chelex-100». Генотипування проводили методом алель-специфічної (ПЛР-SSP) мультиплексної полімеразної ланцюгової реакції з використанням праймерів, комплементарних ділянкам локусів генів PERV-C, PERV-A. В якості внутрішнього контролю ПЛР використовували фрагмент локусу альфа-актину свині свійської (α -Actin). Ампліфікацію проводили в термоциклері «Терцик -2» («ДНК-технологія», РФ). Електрофоретичне розділення ампліфікованих ділянок ДНК у форматі мультиплекс ПЛР проводилось у 2 %-му агарозному гелі у тріс-боратному електрофорезному буфері. Встановлено, що серед досліджених груп свиней найвища концентрація ретровірусу PERV-C виявлена у тварин порід в'єтнамська вислобрюха (100 %), полтавська м'ясна (75 %) українська степова ряба (55 %), велика біла (50 %), ландрас (50 %). Найбільшою часткою тварин-носіїв ретровірусу PERV-A характеризуються породи в'єтнамська вислобрюха (100 %), полтавська м'ясна (95 %), п'єтрєн (80 %) та українська м'ясна (73 %). Найбільше особин, вільних від ретровірусів PERV-A і PERV-C виявлено у дослідних групах порід української степової ряби (відповідно 75 і 45 %, миргородської (відповідно 32 і 75 %), ландрас (відповідно 75 і 50 %) і дика свиня. Свині цих порід можуть стати перспективними донорами органів для ксенотрансплантації.

Ключові слова: ксенотрансплантація, свиня свійська, ДНК-типування, ретровіруси, PERV-A, PERV-C

Рик Т. М.

Сучасна трансплантологія відчуває гостру нестачу донорських органів. Одним із перспективних напрямів її вирішення наразі вважається використання органів і тканин тварин – ксенотрансплантація. За економічними і етичними критеріями, а також завдяки анатомічним і фізіологічним параметрам найоптимальнішим потенціальним донором органів для ксенотрансплантації є свиня свійська. Сучасна трансплантологія відчуває потребу у донорських органах.

У практиці використання свиней в медико-біологічних цілях США використовують спеціально виведені лабораторні породи (Zhang, et al, 2020). Також у різних країнах для медико-біологічного моделювання використовують дрібних аборигенних свиней (Волощук, та ін., 2014). Однак через дефіцит лабораторних дрібних свиней часто доводиться використовувати звичайних свійських свиней різних порід, оскільки розміри органів і структура тканин свійських свиней і їх функціональні особливості максимально наближені до анатомо-фізіологічних характеристик людини.

Однак є низка проблем, з якими стикаються трансплантологи, однією з яких є потенційний ризик передачі реципієнту при пересадці органів тварин рекомбінантних ендегенних ретровірусів (*Porcine Endogenous Retrovirus, PERV*), які можуть інфікувати клітини людини. Щоб

запобігти передачі PERV реципієнту, було розроблено ряд різних стратегій. Ці стратегії включають відбір тварин, вільних від PERV-C, з використанням специфічних і чутливих методів для виявлення PERV-C (Kaulitz, et al, 2013). Це запобігає рекомбінації між PERV-A і PERV-C. Іншими стратегіями є відбір тварин із низькою експресією PERV-A та PERV-B (Dieckhoff, et al., 2009).

Існує вірогідність того, що перебуваючи у латентній формі, при пересадці органу від тварини-донора, PERV можуть активізуватись і спричинити захворювання у людини, в тому числі і онкологічні. До того ж включення PERV в геном людини несе ризик того, що у разі стимуляції клітин іншими мікроорганізмами, експресія вірусу може змінитися, що може призвести до невідомих наслідків. Тому знання молекулярної структури та циклу реплікації вірусів PERV необхідні для визначення ризику зараження та планування стратегій їх виявлення. Для мінімізації ризику передачі вірусу під час ксенотрансплантації людини необхідний ретельний скринінг вихідного стада свиней за PERV, відбір тварин із низькими рівнями експресії вірусів PERV-A і C.

Метою досліджень було молекулярне дослідження генетичної структури окремих популяцій свиней за генами PERV-C, PERV-A для визначення потенційної придатності

Рик Т. М.

їх використання у ксенотрансплантації.

Матеріали та методи досліджень. Експериментальні дослідження проведені у лабораторії генетики Інституту розведення і генетики тварин імені М. В. Зубця НААН та лабораторії генетики Інституту свинарства і агропромислового виробництва НААН.

Ідентифікацію ендемічних ретровірусів свиней PERV-C та PERV-A провели на поголів'ї свиней таких порід: *полтавська м'ясна* (20 гол, ДП «Деркульський кінний завод №63», Луганська обл.), *велика біла* (20 гол., ДП «Дослідне господарство «Степне» Інституту свинарства і АПВ НААН», Полтавська обл.), *ландрас* (20 гол., ТОВ «Хлібне», Харківська обл., Лозівський р-н, с. Царедарівка), *н'єтрєн* (20 гол., Дослідна станція Гоенгаймського університету, Штутгарт, Німеччина), *миргородська* (54 гол., ДП «Дослідне господарство імені Декабристів» Інституту свинарства і АПВ НААН, Полтавська обл.), *в'єтнамська вислобрюха* (10 гол., Дослідна станція Інституту свинарства і агропромислового виробництва НААН, м. Полтава), *українська м'ясна* (22 гол.), *українська степова ряба* (20 гол., ДП «Дослідне господарство Інституту тваринництва степових районів ім. Іванова «Асканія-Нова», Херсонська обл.) і *дика свиня* (7 гол., Дослідна

станція Гоенгаймського університету, Штутгарт, Німеччина).

Для молекулярно-генетичного аналізу від піддослідних тварин відбирали зразки біоматеріалу (венозну кров, щетина з волосяними цибулинами). Виділення геномної ДНК зі зразків здійснювали сольовим методом та з використанням йоннообмінної смоли «Chelex-100». Генотипування проводили методом ПЛР-SSP використанням праймерів, комплементарних ділянкам локусів генів RYR1, PERV-C, PERV-A. Ампліфікацію проводили в термоциклері «Терцик -2» («ДНК-технологія», РФ). Детекцію результатів генотипування здійснювали електрофоретично у 2 % агарозному гелі.

Статистична обробка результатів генетичних досліджень проводилась методами математичної статистики, за використання комп'ютерної програми GenAlex 6.0 (Peacall, & Smouse, 2006). Для оцінки вірогідності різниці між представниками різних популяцій за частотами алелів використали алгоритм Фішера.

Результати досліджень і їх обговорення. Аналіз результатів дослідження підтипу С вірусу PERV у свиней виявили різну частоту його розповсюдження у породах свиней української і зарубіжної селекції (рис.1).

Рик Т. М.

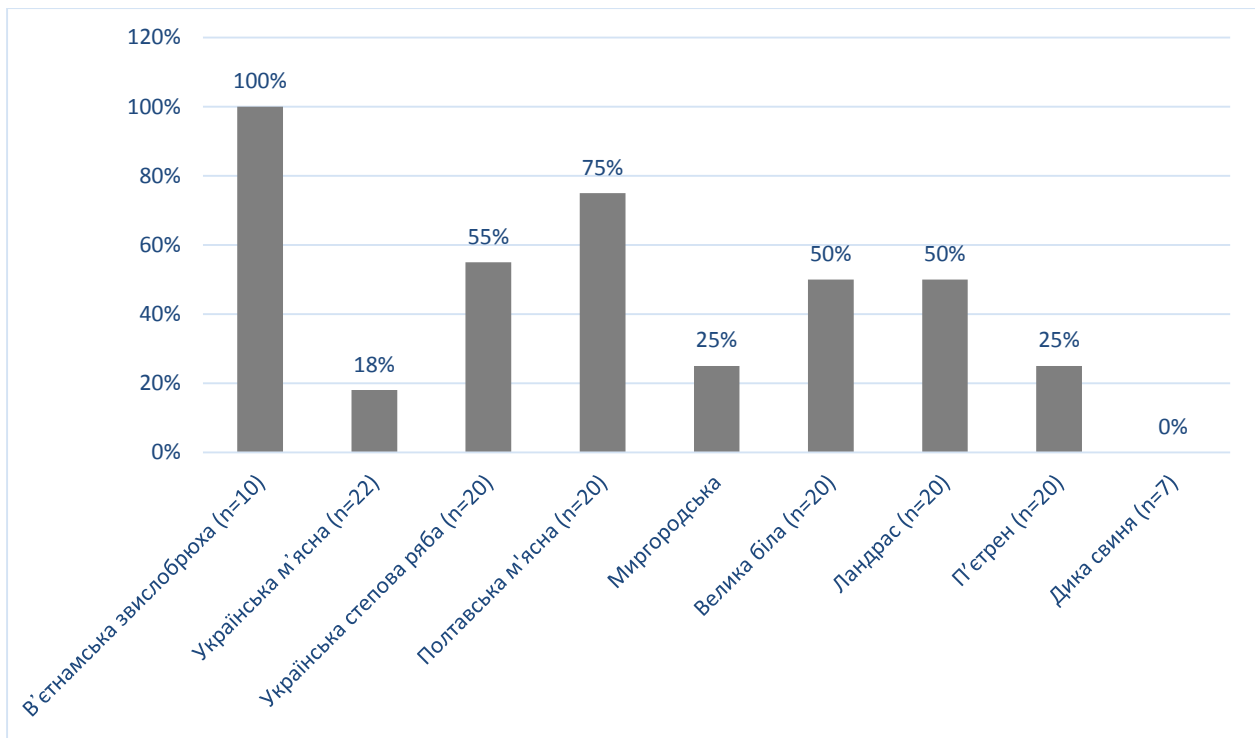


Рис. 1. Частка тварин з ретровірусом PERV-C у досліджених групах свиней

Результати дослідження показали, що рівень розповсюдження ретровірусу *PERV-C* варіював у широких межах: від повної його відсутності у дослідній групі дикої свині до 100-відсоткової зараженості свиней дослідної групи в'єтнамських вислобрюхих. У групі полтавських м'ясних частка носіїв ретровірусу *PERV-C* склала три четверті від усіх досліджених. У досліджених групах свиней порід української м'ясної, миргородської та п'єтрен частота носіїв генів дослідженого ретровірусу виявилась значно меншою відповідно – 25 %, 18 % і 25 %, порівняно із полтавською м'ясною. У 50 % свиней української степової рябої, ландрас та великої білої виявлено геном *PERV-C*. Результати наших досліджень співставні з отриманими іншими

авторами результатами про розповсюдження *PERV-C* у популяціях свиней сальних порід (Nikitin, Yudin, & Knyazev, (2010). У в'єтнамській вислобрюхій і українській степовій рябій, які належать до порід зазначеного напряму продуктивності, частота становила відповідно 100 % та 55 %,.. Однак, слід зауважити, що різниця між частотами *PERV-C*, які зустрічаються в досліджуваних субпопуляціях, не завжди статистично підтверджувалася.

Високий відсоток тварин-носіїв ретровірусу *PERV C*-підтипу у групах свиней в'єтнамських вислобрюхих, полтавських м'ясних, великої білої і ландрас, як показали результати дослідження, ускладнює відбір тварин, придатних для використання

Рик Т. М.

їх у біомедичних цілях. На противагу представникам цих порід, у автохтонних малочисельних породах частка тварин-носіїв ретровірусу С підтипу була значно меншою: у групі миргородської породи – 25 %, української м'ясної – 18 % та п'єтрєн – 25 %. Повністю вільними від ретровірусу *PERV-C* виявились дикі свині. Досить велика частка тварин, вільних від ретровірусу *PERV-C*, у представників української м'ясної породи – 82 % виводить саме цю вітчизняну породу, у ряд найбільш перспективних генотипів для потреб ксенотрансплантації.

Перспективними для потреб ксенотрансплантації також можуть вважатися породи свиней п'єтрєн та миргородська зі достатньо високим відсотком тварин, вільних від ретровірусу *PERV-C*.

Очевидно, що висока частота підтипу С ретровірусу *PERV* у полтавській м'ясній породі пов'язана із суттєвим впливом на формування її генофонду вихідної породи – великої білої, що використовувалася в якості як материнської, так і батьківської форм. Проведене нами дослідження також підтверджує думку інших науковців про низьку розповсюдженість *PERV-C* у тварин спеціалізованих м'ясних генотипів та їх найбільшу наближеність за цим показником до дикого європейського кабана.

У породах великої білої та ландрас виявлено по 50 % тварин-

носіїв ретровірусу *PERV* підтипу С, що ускладнює відбір тварин, придатних для використання їх у біомедичних цілях. На противагу цьому невисока частка заражених небезпечним ретровірусом тварин у дослідних групах свиней автохтонних малочисельних порід свідчить про можливу перспективу використання їх для потреб біомедицини. У субпопуляції дикої свині носіїв ретровірусу *PERV-C* не виявлено, що погоджується з даними (Liu, et al. 2023) про їх відсутність серед свиней «дикого типу».

Виходячи із отриманого результату дослідження розповсюдження гаплотипу *PERV-C* у свиней, що розводяться на території України можна відмітити важливу закономірність – найвища концентрація ретровірусу *PERV-C* властива тваринам азійського походження (в'єтнамська вислобрюха) та українській степовій рябій, великій білій, ландрас і полтавській м'ясній породам.

Очевидно, що висока частота підтипу С ретровірусу *PERV* у полтавській м'ясній породі пов'язана із суттєвим впливом на формування її генофонду вихідної породи – великої білої, що використовувалася в якості як материнської, так і батьківської форм. Проведене нами дослідження також підтверджує тезис інших науковців про низьку розповсюдженість *PERV-C* у тварин спеціалізованих м'ясних генотипів та

Рик Т. М.

їх найбільшу наближеність за цим показником до дикого європейського кабана.

Молекулярно-генетичний аналіз з визначення тварин-носіїв PERV-C показав суттєву різницю між дослідженими породами за вибраним маркером. Наші дослідження показали, що більшість тварин з відсутністю ендогенного ретровірусу свиней PERV-C належать до порід м'ясного напрямку продуктивності. Так, вільними від вірусу виявились: 82 % тварин в українській м'ясній породі; половина досліджених свиней породи ландрас; по 75 % – у п'єтрєнів і миргородської породи. Водночас у свиней універсального напрямку продуктивності частка вільних від вірусів тварин значно менша: велика біла – 50 %, українська степова ряба – 45 %. У тварин сального напрямку продуктивності породи в'єтнамська вислобрюха незаражені тварини взагалі відсутні.

Отримані результати досліджень показують, що серед вітчизняного поголів'я свиней є тварини, які не є носіями ендогенного ретровірусу свиней PERV-C, що створює сприятливі передумови для їхнього використання у ксенотрансплантації. Це такі породи як українська м'ясна, п'єтрєн і миргородська.

Визначення особин, вільних від PERV-C, позбавить науковців необхідності проведення складних генно-інженерних маніпуляцій з нокаутування ДНК даного вірусу, а

відомості щодо його відсутності у дикого європейського кабана (Godehardt, et al., 2020), можуть бути корисними у селекційній роботі з аборигенними українськими породами.

Міжнародним законодавство передбачено принципи використання свиней у клінічних дослідженнях: скринінг наявності у організмі PERV-C, вибір тварин із низькими рінками експресії PERV-A, PERV-B і (Nikitin, Yudin & Knyazev, 2010). Дослідженнями виявлено високу частоту виявлення PERV типів А і В у різних порід свійських свиней, в той же час виявлені свині у яких відсутній PERV-C.

Запровадження секвенування ДНК геному свині дозволить проводити відбір тварин-донорів із зниженою інфекційністю, визначити інтенсивність експресії та розробити методи їх нокауту.

Аналіз наявності геному вірусів PERV підтипу А у субпопуляціях свиней досліджуваних порід також виявив різну їх частоту (рис. 2).

Так, встановлено, що найбільшою часткою тварин із ретровірусом PERV –А характеризувалися полтавська м'ясна, п'єтрєн та українська м'ясна породи свиней відповідно із 95 %, 80 % та 73 %. Приблизно на однаковому рівні була кількість тварин із наявністю ретровірусу підтипу А у свиней порід миргородська та велика біла, з

Рик Т. М.

частотою відповідно 68 % та 65 %. У свиней породи в'єтнамська

вислобрюха стовідсотково виявили ретровірус *PERV-A*.

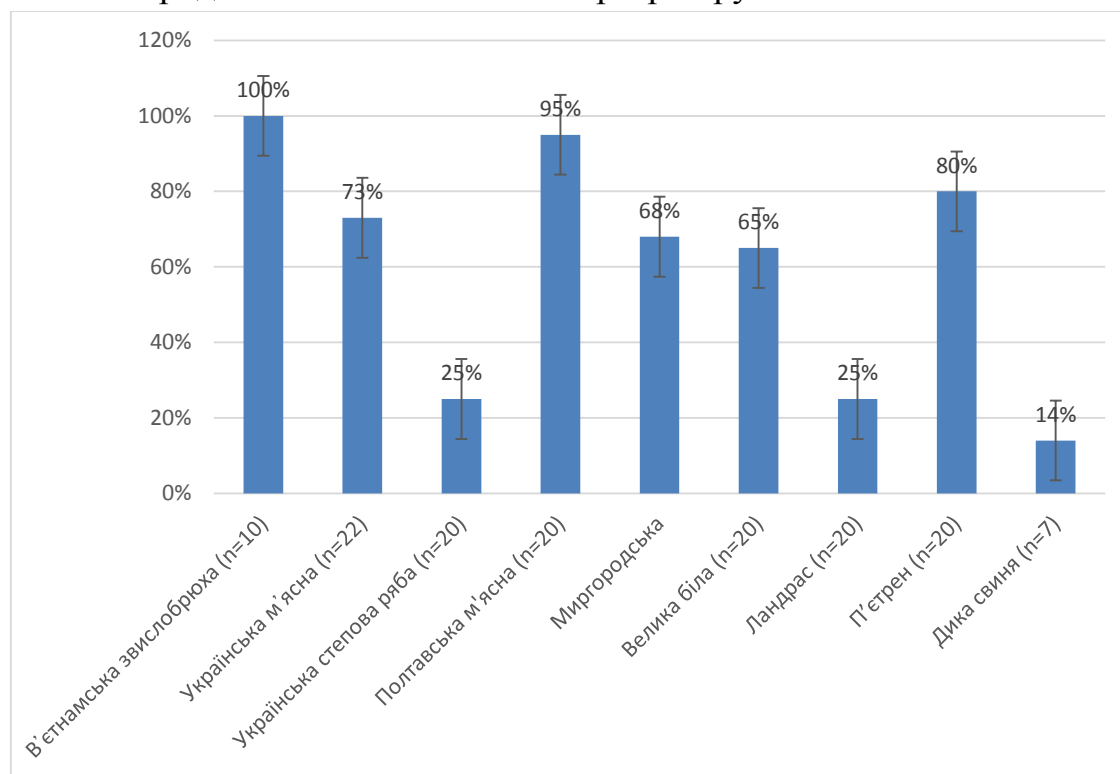


Рис. 2. Частоти тварин з вірусом *PERV-A* у досліджених групах свиней різних порід

У особин, що представляють групу дикого кабана, породи ландрас і українську степову рябу *PERV-A* зустрічався з відносно низькою частотою, у той час, коли у всіх свиней в'єтнамської вислобрюхої породи був виявлений цей вірус. У полтавській м'ясній породі його частка сягала 90 %, дещо меншою вона встановлена у субпопуляціях миргородської і великої білої порід.

Виходячи з результатів молекулярно-генетичного аналізу за маркером *PERV-A* не прослідковується перспектив для використання у біомедичних цілях свиней в'єтнамська вислобрюха, полтавська м'ясна та п'єтрен.

Найбільш придатними для розведення у біомедичних цілях виявилися свині породи українська степова ряба, ландрас та дика свиня.

Найменша частка тварин, що мали в своєму геномі обидва підтипи вірусу, виявлена у дослідній групі диких свиней. Водночас, у в'єтнамській вислобрюхій породі всі тварини були носіями обох підтипів вірусу *PERV*. Віруси *PERV* обох підтипів з високою частотою виявлені також у геномах тварин із субпопуляції полтавської м'ясної породи.

Проведений нами молекулярно-генетичний аналіз за маркерами *PERV-A* та *PERV-C* показав різний

Рик Т. М.

розподіл частот із позитивним результатом на присутність ретровірусу свиней підтипу А та С, що ускладнює можливість відбору окремих порід свиней одразу за обома підтипами. Однак окремо за кожним маркером така можливість існує. Тому відбір тварин визначених кандидатних порід свиней направлений на елімінацію генів ретровірусу свиней підтипу А та С в перспективі надає можливість створити спеціалізовані лінії свиней придатних до ксенотрансплантації.

Щоб виключити чи мінімізувати будь-який ризик інфекції PERV під час ксенотрансплантації людині, бажано відбирати свиней-донорів, у яких будуть відсутні всі тропні для людини PERV-C та найнижча експресія PERV-A. Експресія РНК PERV знайдена практично у всіх порід домашніх свиней (Denner, 2021; Liu et al. 2023). Однак проведення полігеномного секвенування ДНК може допомогти охарактеризувати і відібрати тварин-донорів із зниженою PERV.

Висновки. Дослідження частоти ретровірусу PERV-C у свинях різних порід показало, що найменшу кількість носіїв вірусу мали свині порід: українська м'ясна (18 %), миргородська (25 %), п'єтрен (20 %).

Список використаних джерел

1. Zhang Y., Xing X., Huang L. et al. Screening pigs for xenotransplantation in China: investigation of porcine endogenous retrovirus in Diannan small-eared pigs. *Virus Genes*. 2020. Vol. 56, P. 202–208. <https://doi.org/10.1007/s11262-019-01722-7>

Половина свиней порід ландрас і велика біла були носіями PERV-C. 75 % свиней полтавської м'ясної породи мали PERV-C. 100 % свиней в'єтнамської вислобрюхої породи були заражені PERV-C. Дикі свині не мали PERV-C.

Дослідження ретровірусу PERV-A засвідчило цілковиту зараженість дослідних у свиней в'єтнамської вислобрюхої породи і високу частоту (75 %) у полтавській м'ясній породі. Відносно низька частота – у диких кабанів, ландрасів, миргородських, великої білої та української степової рябої.

Отже, найвищий відсоток особин, вільних від ретровірусів PERV-A та PERV-C виявлено серед свиней таких порід: українська степова ряба: 75 % (PERV-A) та 45 % (PERV-C); миргородська: 32 % (PERV-A) та 75 % (PERV-C); ландрас: 75 % (PERV-A) та 50 % (PERV-C); дика свиня: 86 % (PERV-A) та 100 % (PERV-C). Свині цих порід можуть стати перспективними донорами органів для ксенотрансплантації.

Наступними дослідженнями щодо встановлення придатності свиней для потреб біомедицини планується дослідження їх стресостійкості (ген RYR).

2. Волощук В. М. та ін. Свиначество : монографія / За ред. Волощука В.М. К. : Аграрна наука, 2014. 587 с

3. Kaulitz D. Mihica D. Adlhoch C. Semaan M. Denner J. Improved pig donor screening including newly identified variants of porcine endogenous retrovirus-C (PERV-C).

Рик Т. М.

Archives of Virology. 2013, Vol. 158, P. 341–348. <https://doi.org/10.1007/s00705-012-1490-9>

4. Dieckhoff B., Kessler B., Jobst D., Kues W., Petersen B., Pfeifer A., Kurth R., Niemann H., Wolf E., Denner J. Distribution and expression of porcine endogenous retroviruses in multi-transgenic pigs generated for xenotransplantation. *Xenotransplantation*. 2009. Vol. 16. P. 64–73

5. Peacall R, Smouse P.E. GENALEX 6: genetic analysis in Excel Population genetics of twarean dresearch. *Molecular Ecology Notes*. 2006. № 6. P. 288-295

6. Nikitin S.V., Yudin N.S, Knyazev S.P. Differentiation of wild boar and domestic pig populations based on the frequency of chromosomes carrying endogenous retroviruses. *Natural Science*. 2010. Vol. 2. № 6. P. 527-534. <https://doi.org/10.4236/ns.2010.26066>.

7. Godehardt A.W., Fischer N., Rauch P., Gulich B., Boller K., Church G.M., Tönjes R. Characterization of porcine endogenous retrovirus particles released by the CRISPR/Cas9 inactivated cell line PK15 clone 15. *Xenotransplantation*. 2020. Vol. 27. № 2. P. 12563. <https://doi.org/10.1111/xen.12563>

8. Denner J. Porcine Endogenous Retroviruses and Xenotransplantation, *Viruses*. 2021. Vol. 13. № 11. P. 2156. <https://doi.org/10.3390/v13112156>

9. Liu Y., Niu Y., Ma X. et al. Porcine endogenous retrovirus: classification, molecular structure, regulation, function, and potential risk in xenotransplantation. *Functional and Integrative Genomics*. 2023. Vol. 23. P. 60. <https://doi.org/10.1007/s10142-023-00984-7>

Referens

1. Zhang, Y., Xing, X., Huang, L. Wu, J., Li, P., Ruhong Li, R., Liu, G. (2020) Screening pigs for xenotransplantation in China: investigation of porcine endogenous retrovirus in Diannan small-eared pigs. *Virus*

Genes. 56: 202–208. <https://doi.org/10.1007/s11262-019-01722-7>

2. Voloshchuk V.M. et al. (2014). Swine breeding. Monograph. Kyiv, Agrarian science. 587 p

3. Kaulitz, D. Mihica, D. Adlhoch, C. Semaan, M. Denner, J. (2013) Improved pig donor screening including newly identified variants of porcine endogenous retrovirus-C (PERV-C). *Arch. Virol.* 158:341–348. <https://doi.org/10.1007/s00705-012-1490-9>

4. Dieckhoff, B., Kessler, B., Jobst, D., Kues, W., Petersen, B., Pfeifer, A., Kurth, R., Niemann, H., Wolf, E., Denner, J. (2009). Distribution and expression of porcine endogenous retroviruses in multi-transgenic pigs generated for xenotransplantation. *Xenotransplantation*. 16: 64–73.

5. Peacall, R, Smouse, P.E. (2006) GENALEX 6: genetic analysis in Excel Population genetics of twarean dresearch. *Molecular Ecology Notes*. 6: 288-295.

6. Nikitin, S.V., Yudin, N.S, Knyazev, S.P. (2010). Differentiation of wild boar and domestic pig populations based on the frequency of chromosomes carrying endogenous retroviruses. *Natural Science*. 2(6):527-534. <https://doi.org/10.4236/ns.2010.26066>.

7. Godehardt, A.W., Fischer, N., Rauch, P., Gulich, B., Boller, K., Church, G.M., Tönjes, R. (2020). Characterization of porcine endogenous retrovirus particles released by the CRISPR/Cas9 inactivated cell line PK15 clone 15. *Xenotransplantation*. 27(2): 12563. <https://doi.org/10.1111/xen.12563>

8. Denner, J. (2021). Porcine Endogenous Retroviruses and Xenotransplantation, *Viruses*. 13(11): 2156. <https://doi.org/10.3390/v13112156>

9. Liu, Y., Niu, Y., Ma, X. et al. (2023). Porcine endogenous retrovirus: classification, molecular structure, regulation, function, and potential risk in xenotransplantation. *Functional Integrative Genomics*. 23:60. <https://doi.org/10.1007/s10142-023-00984-7>

MOLECULAR-GENETIC STATUS OF PIGS OF OTHER BREEDS SUITABLE FOR USE IN XENOTRANPLANTATION

T. M. Ryk

Abstract. *Thousands of people in Ukraine and the world need organ transplants. However, the main obstacle to the wider use of transplantation remains the shortage of donor organs and tissues. To prevent human infection with viruses during organ transplantation, pigs are carefully screened for PERV retroviruses and animals with low expression levels of PERV-A and PERV-C are selected.*

The article is devoted to the discussion of the results of research on the frequency of retrovirus PERV types A and C in populations of Ukrainian pig breeds.

The research was carried out on samples of pigs of the following breeds: Mirgorod, Great White, Poltava meat, Ukrainian meat, Ukrainian Steppe Ryaba, Landras, Pietren, Vietnamese Vyslobryukha, Vietnamese Meishan, and wild pig. Biomaterial samples (venous blood, bristles with hair bulbs) were collected for molecular genetic analysis. Isolation of genomic DNA from the samples was carried out by the salt method and using the Chelex-100 ion exchange resin. Genotyping was performed by the method of allele-specific (PCR-SSP) multiplex polymerase chain reaction using primers complementary to regions of the PERV-C, PERV-A gene loci. A fragment of the domestic pig alpha-actin locus (α -Actin) was used as an internal PCR control. Amplification was carried out in a thermal cycler Tertsik-2[®] (DNA-technology, RF). Electrophoretic separation of amplified DNA sections in multiplex PCR format was performed in a 2% agarose gel in a tris-borate electrophoresis buffer.

It was established that among the studied groups of pigs, the highest concentration of retrovirus PERV-C was found in animals of the breeds Vietnamese Vyslobryukha (100%), Poltava meat (75%), Ukrainian steppe spotted (55%), large white (50%), landrace (50%). The largest share of PERV-A retrovirus carrier animals is characterized by the breeds of Vietnamese Vyslobryukha (100%), Poltava meat 95%, Pietren (80%) and Ukrainian meat (73%). The largest number of individuals free from PERV-A and PERV-C retroviruses were found in experimental groups of breeds of Ukrainian steppe spotted (75 and 45%, respectively), Myrhorod (32 and 75%, respectively), landrace (75 and 50%, respectively) and wild pig. Pigs these breeds can become promising organ donors for xenotransplantation.

Key words: *xenotransplantation, domestic pig, DNA typing, retroviruses, PERV-A, PERV-C*