

**ВЕТЕРИНАРНА МЕДИЦИНА, БІОБЕЗПЕКА ТА
БЛАГОПОЛУЧЧЯ ТВАРИН
VETERINARY MEDICINE, BIOSAFETY AND ANIMAL WELFARE**

УДК 636.4.09:616-007/.43:591

**АНАЛІЗ СПАДКОВОЇ СХИЛЬНОСТІ ДО ГРИЖ У СВИНЕЙ ЗА
РЕЗУЛЬТАТАМИ ОЦІНКИ ПОТОМСТВА КНУРІВ-ПЛІДНИКІВ**

**М. П. Чорнозуб, О. В. Ємельяненко, О. І. Соболев,
О. А. Порошинська, В. І. Козій**

*Білоцерківський національний аграрний університет
пл. Соборна, 8/1, м. Біла Церква, Київська обл., Україна, 09117
<https://ror.org/041bgnt86>*

Чорнозуб М. П. ✉
chornozub72@btsau.edu.ua
<https://orcid.org/0000-0003-0282-8824>
Ємельяненко О. В.
emel_79@ukr.net
<https://orcid.org/0000-0003-4907-6324>
Соболев О. І.
sobolev_a_i@ukr.net
<https://orcid.org/0000-0003-3239-0560>
Порошинська О. А.
oksana.poroshynska@btsau.edu.ua
<https://orcid.org/0000-0001-9882-1963>
Козій В. І. ✉
vasyl.kozii@btsau.edu.ua
<https://orcid.org/0000-0003-1364-9047>

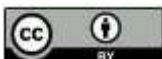
Рукопис надійшов/
Manuscript was received
08.04.2026
Після рецензування/
Received after review
01.05.2026
Прийнято до друку/
Accepted for printing
22.06.2026
Доступно онлайн/
Available online
30.06.2026

Декларування конфлікту інтересів:
Не потрібно

Етичне схвалення:
*Схвалено Етичним комітетом БНАУ
(протокол № 1 від 31.05.2023 р., висновок № 2)*



Attribution License 4.0 International (CC BY 4.0)



Метою дослідження був аналіз спадкової схильності до гриж у свиней на основі оцінки потомства кнурів-плідників у виробничих умовах. **Методи.** Дослідження проводилися протягом 2022–2025 років у виробничих умовах у господарствах Київської області. Проаналізовано 7500 голів молодняку, отриманого від п'яти кнурів різного генетичного походження. Діагностику гриж здійснювали клінічним методом. Оцінювали загальну частоту грижосійства та частку пахвинно-мошонкових гриж. Статистичний аналіз включав використання χ^2 -критерію Пірсона, а також розрахунок відносного ризику (RR) та відношення шансів (OR). **Результати.** Встановлено, що загальна частота грижосійства становила 22,4 %, при цьому показники значно варіювали залежно від кнур-плідника – від 3,3 до 41,2 %. Найвищу частоту гриж виявлено у потомства гібридного кнура термінальної лінії Оптимус, тоді як найнижчі показники характерні для чистопородних кнурів ландрас та йоркшир. Пахвинно-мошонкові грижі становили понад 80 % усіх випадків. Виявлено достовірну залежність частоти гриж від походження потомства (χ^2 , $p < 0,001$). Відносний ризик розвитку патології у потомства окремих плідників досягав 10,6, а відношення шансів – 17,2. **Висновки.** Отримані результати свідчать про наявність вираженого спадкового складника у формуванні гриж у свиней та підтверджують доцільність використання оцінки потомства для виявлення небажаних генетичних ознак. Результати можуть бути використані для удосконалення селекційної роботи з метою зниження поширеності даної патології. **Ключові слова:** свині, грижі, грижосійство, спадковість, кнури-плідники, селекція, пахвинно-мошонкові грижі.

Для цитування (за ДСТУ 8302:2025):

Чорнозуб М. П., Ємельяненко О. В., Соболев О. І., Порошинська О. А., Козій В. І. Аналіз спадкової схильності до гриж у свиней за результатами оцінки потомства кнурів-плідників. *Свинарство і агропромислове виробництво* : міжвідом. темат. наук. зб. / Ін-т свинарства і АПВ НААН. Полтава, 2026. Вип. 7(85). С. 98–106. [https://doi.org/10.37143/2786-7730-2026-7\(85\)8](https://doi.org/10.37143/2786-7730-2026-7(85)8)

Вступ. Грижі у свиней, зокрема пахвинні та пахвинно-мошонкові, належать до поширених хірургічних патологій у промисловому свинарстві, що мають значний вплив на економічну ефективність виробництва. Вони супроводжуються зниженням приростів живої маси, підвищенням вибракування молодняку, витратами на лікування та ризиком загибелі тварин. За даними різних досліджень, частота виявлення гриж у свиней може коливатися в широких межах – від 0,5 % до понад 20 %, залежно від породи, умов утримання та генетичних особливостей популяції [1, 2].

Сучасні уявлення про етіологію гриж у свиней є поліфакторними та включають як чинники зовнішнього середовища, так і генетичні компоненти. До не генетичних факторів відносять умови утримання, рівень годівлі, травматизацію, інфекційні процеси та особливості внутрішньоутробного розвитку [3]. Водночас численні дослідження вказують на суттєву роль спадковості у формуванні схильності до розвитку гриж, зокрема через порушення розвитку сполучної тканини, дефекти закриття пахвинного каналу та зміни у регуляції ембріонального розвитку [4, 5].

Генетична зумовленість грижоносійства у свиней підтверджується результатами селекційних досліджень, у яких показано, що коефіцієнт успадковування цієї ознаки може варіювати в межах 0,1–0,4. Це свідчить про можливість ефективного добору плідників за даним показником [4, 6]. Крім того, встановлено асоціації між виникненням гриж і певними генетичними маркерами, що відкриває перспективи використання молекулярно-генетичних підходів у селекції [5].

Особливе значення для практики має оцінка впливу кнурів-плідників на частоту прояву гриж у потомства. Саме такий підхід дає змогу непрямо оцінити генетичну схильність до патології та виявити лінії з підвищеним ризиком її прояву. У виробничих умовах це є ключовим елементом профілактики, оскільки виключення з відтворення плідників із небажаними генетичними ознаками сприяє зниженню поширеності патології в популяції.

Разом із тим, попри наявність значної кількості експериментальних та молекулярно-генетичних досліджень, питання практичної оцінки спадкової схильності до гриж у свиней у виробничих умовах залишається недостатньо висвітленим. Зокрема, обмежено представлені роботи, що базуються на аналізі великих масивів даних потомства конкретних кнурів-плідників із використанням статистичних підходів до оцінки ризику.

У зв'язку з цим, **метою даного дослідження** є аналіз спадкової схильності до гриж у свиней на основі оцінки частоти грижоносійства у потомства різних кнурів-плідників у виробничих умовах. Отримані результати матимуть практичне значення для удосконалення селекційної роботи у свинарстві та можуть бути використані для зниження поширеності хірургічної патології у промислових умовах.

Матеріали та методи дослідження. Дослідження проводили протягом 2022–2025 років у виробничих умовах у господарствах Київської області. Об'єктом дослідження було потомство, отримане від п'яти кнурів-

плідників різного генетичного походження: кнура синтетичної термінальної лінії Оптимус, двопородного гібрида гемпшир × дюрк, чотирипородного гібрида й чистопородних кнурів ландрас та йоркшир.

Загалом було проаналізовано 7500 голів молодняку. Вибірка формувалася за принципом суцільного обліку приплоду зазначених кнурів у межах господарств без попереднього відбору, що дало змогу мінімізувати селекційні упередження та відповідає підходам, прийнятим у ветеринарно-епізоотологічних дослідженнях [7].

Діагностику гриж здійснювали за загальноприйнятими клінічними методами, включаючи огляд і пальпацію пахвинної ділянки та мошонки. Реєстрацію патології проводили за наявності характерного випинання в ділянці пахвинного каналу або мошонки, зі збільшенням її розміру, що узгоджується із клінічними підходами до діагностики гриж у свиней [1].

Отримані дані систематизували у вигляді абсолютних (кількість голів) та відносних (відсоток у межах групи потомства відповідного кнура-плідника) показників. Для оцінки статистичної значущості відмінностей між групами використовували критерій χ^2 (Пірсона), який є стандартним методом аналізу категоріальних даних у біомедичних дослідженнях [8]. Для кількісної оцінки ступеня ризику розвитку гриж залежно від генетичного походження потомства застосовували показники відносного ризику (RelativeRisk, RR) та відношення шансів (OddsRatio, OR), що широко використовуються у ветеринарній епідеміології для оцінки асоціацій між фактором і ознакою [7].

Інтерпретацію отриманих результатів здійснювали з урахуванням сучасних уявлень про поліфакторну природу гриж у свиней, зокрема ролі генетичних і зовнішніх чинників [3, 9]. Статистичні розрахунки виконували з використанням стандартних біометричних підходів. Критичний рівень значущості приймали на рівні $p < 0,05$.

Дослідження проведено відповідно до положень Європейської конвенції про захист хребетних тварин, що використовуються для експериментальних та інших наукових цілей (Official Journal of the European Union L276/33, 2010), а також згідно із Законом України «Про захист тварин від жорстокого поводження» від 28.03.2006 р. № 27, ст. 230, та наказом Міністерства освіти і науки, молоді та спорту України № 249 від 01.03.2012 р. «Про затвердження Порядку проведення науковими установами дослідів, експериментів на тваринах». Проведення досліджень було схвалено Етичним комітетом Білоцерківського національного аграрного університету (протокол № 1 від 31.05.2023 р., висновок № 2).

Результати дослідження та їх обговорення. У результаті проведених досліджень встановлено суттєву варіабельність частоти грижоносійства серед потомства різних кнурів-плідників (табл. 1). Загалом серед 7500 досліджених голів молодняку грижі були виявлені у 1678 тварин, що становить 22,4 %. При цьому частка пахвинно-мошонкових гриж становила 1432 випадки, або 19,1 % від загальної чисельності дослідженого поголів'я та 85,3 % від усіх зареєстрованих гриж.

Таблиця 1. Частота грижозійства у потомства кнурів-плідників різного походження

Порода плідника	Кількість дослідженого потомства, гол.	Виявлено грижозійств		У т.ч. із пахвинно-мошонковими грижами	
		гол.	%	гол.	%
гібрид термінальної лінії Оптімус	2000	824	41,2	732	36,6
2-породний гібрид (гемпшир × дюрк)	1800	459	25,5	390	21,7
4-породний гібрид	1500	315	21,0	264	17,6
чистопорідний ландрас	1200	47	3,9	25	2,1
чистопорідний йоркшир	1000	33	3,3	21	2,1

Найвищі показники грижозійства встановлено у потомства гібридного кнур Оптімус, де загальна частота патології становила 41,2 %, причому у 88,8 % випадків (рис. 1) ці грижі належали до пахвинно-мошонкових, що свідчить не лише про високу загальну поширеність патології у потомків цього плідника, а й про домінування саме цієї її форми. Отримані результати істотно перевищують середній рівень у вибірці та вказують на виражену схильність потомства цього плідника до розвитку гриж.

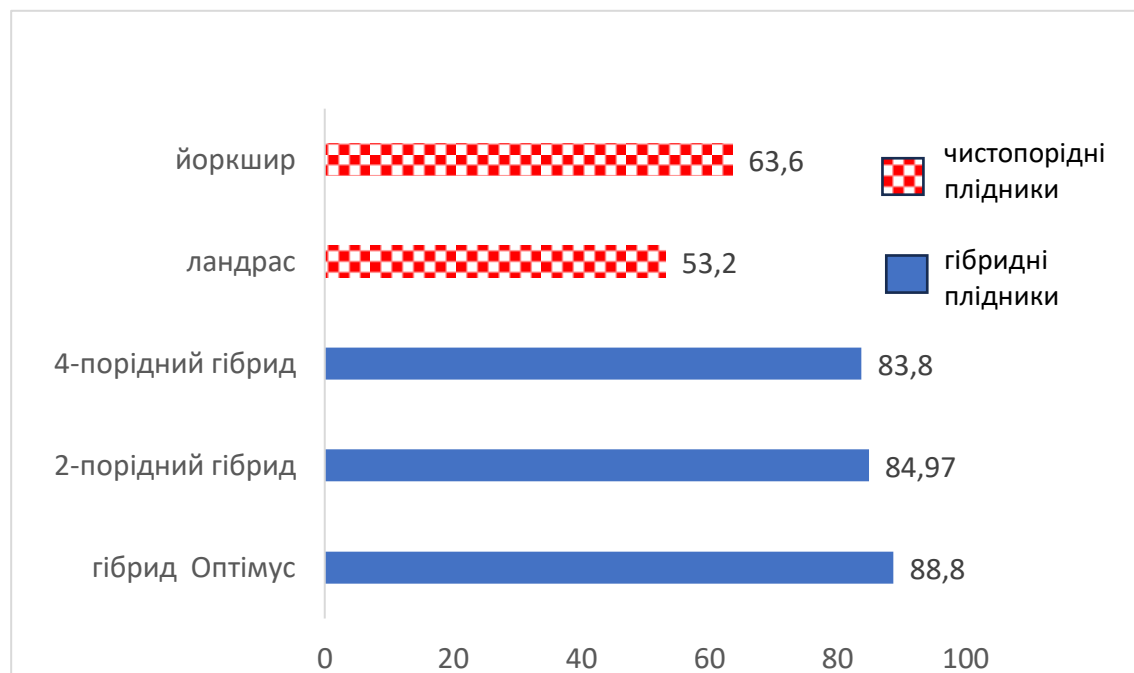


Рис 1. Відсоток пахвинно-мошонкових гриж від загальної кількості гриж, виявлених у потомства плідників різних порід

У потомства гібридного плідника гемпшир × дюрк частота грижозійства становила 25,5 %, що також перевищує середній показник по вибірці. Частка пахвинно-мошонкових гриж у цій групі дорівнювала 21,7 %. Порівняно з попередньою групою такий рівень патології є суттєво

нижчим, однак залишається відносно високим, що є підставою для віднесення даного кнур до групи підвищеного ризику.

У потомства чотирипородного гібридного плідника частота грижозносійства становила 21,0 %, що є близьким до середнього значення у дослідженій популяції. Частка пахвинно-мошонкових гриж становила 17,6 % (264 випадки). Таким чином, даний кнур займає проміжне положення за рівнем прояву патології, що може свідчити про помірний вплив генетичних факторів.

Найнижчі показники грижозносійства зафіксовано у потомства чистопородних кнурів. Зокрема, у потомства кнура породи ландрас загальна частота грижозносійства становила 3,9 %, а пахвинно-мошонкові грижі були виявлені у 25 поросят (2,1 %). Аналогічно низький рівень досліджуваної патології виявлено й у потомства кнура породи йоркшир, де ці показники становили відповідно 3,3 % та 2,1 %.

Порівняльний аналіз показав, що різниця між максимальним і мінімальним значеннями частоти грижозносійства перевищує 12-кратний рівень, що свідчить про значну неоднорідність досліджуваної популяції за даною ознакою. При цьому потомство гібридних кнурів характеризується суттєво вищими показниками поширеності гриж, порівняно з чистопородними тваринами.

Статистичний аналіз підтвердив достовірність виявлених відмінностей. За результатами χ^2 -критерію встановлено значущу залежність частоти грижозносійства від кнура-плідника ($\chi^2 \approx 670$; $p < 0,001$), що свідчить про не випадковий характер розподілу ознаки. Таким чином, фактор походження має істотний вплив на формування досліджуваної патології.

Додатково встановлено значні відмінності у рівні ризику розвитку гриж між окремими групами потомства. Зокрема, відносний ризик розвитку гриж у потомства кнура-плідника типу Оптимус, порівняно з потомством кнура породи ландрас, становив 10,6, а порівняно з потомством кнура породи йоркшир – 12,5. Відношення шансів (OR) для пари плідників порід Оптимус – ландас становило приблизно 17, що вказує на суттєве зростання ймовірності виникнення патології у потомства окремих плідників. Водночас між потомством двопородного та чотирипородного гібридних плідників відмінності були значно менш вираженими ($RR \approx 1,2$), що свідчить про близький рівень прояву ознаки.

Отримані результати свідчать про наявність вираженої варіабельності грижозносійства у свиней залежно від кнура-плідника, що узгоджується з уявленнями про спадкову природу даної патології. Високі значення ризику та достовірність міжгрупових відмінностей дають змогу розглядати окремих плідників як потенційних носіїв генетичної схильності до розвитку гриж у потомства.

Встановлений діапазон варіації грижозносійства від 3,3 % до 41,2 % є надзвичайно широким і не може бути пояснений виключно впливом факторів зовнішнього середовища з огляду на те, що дослідження проводили у відносно подібних виробничих умовах.

Найбільш показовими є результати, отримані для потомства кнура термінальної лінії Оптимус, у якого зафіксовано максимальну частоту грижозносійства. Такий рівень суттєво перевищує як середній показник по вибірці, так і дані, наведені у більшості літературних джерел, де частота

гриж у свиней зазвичай не перевищує 20–25 % [2]. Це дає змогу розглядати даного плідника як потенційного носія небажаних алелів або комбінацій генів, що зумовлюють підвищену схильність до формування гриж. Подібні результати узгоджуються з даними досліджень, у яких встановлено генетичну асоціацію між окремими лініями свиней та підвищеним ризиком пахвинних гриж [4, 5].

Потомство двопородного та чотирипородного гібридних плідників характеризувалося проміжними значеннями частоти грижоносійства, що може свідчити про комбінований вплив генетичних факторів різного походження. У цьому випадку не виключається ефект адитивної дії генів або часткове маскування небажаних алелів у гетерозиготному стані. Водночас отримані показники залишаються вищими за популяційний середній рівень, що вказує на потенційну наявність генетичних компонентів ризику у використаних гібридних комбінаціях.

Особливої уваги заслуговують результати, отримані для потомства чистопородних кнурів ландрас та йоркшир, у яких виявлена частота грижоносійства була істотно нижчою за показники у групах гібридних плідників, що може свідчити про ефективну селекційну роботу, спрямовану на зниження частоти спадкових патологій у цих породах. Відомо, що тривалий цілеспрямований добір може призводити до зменшення частоти небажаних алелів у популяції, що узгоджується з сучасними даними щодо спадкової природи гриж у свиней та можливості їх селекційного контролю [4, 5].

Важливим аспектом є також структура патології. В усіх досліджених групах переважали пахвинно-мошонкові грижі, частка яких становила понад 80% від загальної кількості випадків. Це узгоджується з сучасними уявленнями про патогенез гриж у свиней, де основну роль відіграють порушення закриття пахвинного каналу та особливості розвитку сім'яного канатика [1]. Висока частка саме цієї форми патології може вказувати на єдину або подібну генетичну основу її формування.

З практичного погляду отримані результати мають важливе значення для організації селекційної роботи. Виявлення кнурів із високим рівнем грижоносійства потомства дає змогу своєчасно проводити їх вибракування або обмежувати їх використання у відтворенні. Водночас використання плідників із низькими показниками цієї патології у потомків може сприяти поступовому зниженню її поширеності у популяції [6].

Результати статистичного аналізу підтверджують клінічні спостереження. Високе значення χ^2 ($p < 0,001$) свідчить про достовірну залежність частоти грижоносійства від кнура-плідника, що дає змогу виключити випадковий характер отриманих відмінностей. Додатково встановлені високі значення відносного ризику (до 10,6) та відношення шансів (до 17,2) підкреслюють суттєву різницю між окремими генотипами за схильністю до розвитку дослідженої патології [7, 8].

Разом із тим слід враховувати, що грижі у свиней мають поліфакторну природу і повністю виключити вплив зовнішніх чинників неможливо. До таких чинників можуть належати умови утримання, рівень годівлі, щільність посадки та інші технологічні аспекти [3, 9]. Однак отримані дані свідчать, що за відносно однакових умов утримання саме генетичний фактор, імовірно, відіграє визначальну роль у варіабельності досліджуваної ознаки.

Таким чином, результати дослідження узгоджуються з сучасними науковими уявленнями про спадкову природу гриж у свиней та підтверджують доцільність використання оцінки потомства як ефективного інструменту виявлення небажаних генетичних характеристик плідників. Це створює підґрунтя для подальшого вдосконалення селекційних програм, спрямованих на зниження поширеності даної патології у свинарстві.

Висновки:

1. Встановлено суттєву варіабельність частоти грижозійства у свиней залежно від кнур-плідника, що підтверджує наявність вираженого спадкового складника у формуванні даної патології. Загальна частота гриж у дослідженій вибірці становила 22,4 %, з коливанням між окремими групами потомства в діапазоні від 3,3 до 41,2 %.

2. Найвищі показники грижозійства зафіксовано у потомства гібридного кнура синтетичної термінальної лінії Оптимус, що свідчить про потенційну наявність у цього плідника генетичних факторів, асоційованих із підвищеним ризиком розвитку гриж. Потомство гібридних кнурів характеризувалося проміжними значеннями, тоді як найнижчі показники грижозійства виявлено у потомства чистопородних кнурів ландрас та йоркшир, що може вказувати на ефективну селекційну роботу в цих породах.

3. Статистичний аналіз підтвердив достовірність виявлених відмінностей (χ^2 , $p < 0,001$), а також значну різницю у рівнях ризику розвитку патології між окремими групами (RR – до 10,6; OR – до 17,2). Це дає змогу розглядати кнурів-плідників як важливий фактор, що визначає частоту грижозійства у потомства.

4. Встановлено, що у структурі патології домінують пахвинно-мошонкові грижі, частка яких перевищує 80% від усіх випадків, що узгоджується з особливостями патогенезу даного захворювання у свиней.

Отримані результати обґрунтовують доцільність використання оцінки потомства як ефективного інструменту виявлення небажаних генетичних характеристик кнурів-плідників та підтверджують необхідність врахування показників грижозійства у селекційній роботі.

Перспективи подальших досліджень. Подальші дослідження доцільно спрямувати на поглиблене вивчення генетичних механізмів формування грижозійства у свиней із використанням сучасних молекулярно-генетичних підходів, зокрема аналізу асоціацій із генетичними маркерами та геномного профілювання. Перспективним є також визначення коефіцієнтів успадковування для різних форм гриж у конкретних популяціях свиней, що дасть змогу підвищити ефективність селекційних програм. Доцільним є проведення досліджень із залученням більшої кількості плідників і розширення географії господарств для підвищення репрезентативності вибірки.

Окремої уваги потребує вивчення взаємодії генетичних і зовнішніх факторів, зокрема умов утримання, годівлі та технологічних параметрів виробництва, з метою комплексної оцінки ризиків розвитку гриж. Крім того, перспективним напрямом є розробка практичних рекомендацій щодо селекційного відбору кнурів-плідників на основі показників здоров'я потомства, що сприятиме зниженню поширеності хірургічної патології та підвищенню ефективності свинарства.

СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ

1. Rutten-Ramos S. C., Deen J. Association between umbilical hernias and genetic line in a swine multiplication herd and methods to differentiate the role of sire in the incidence of umbilical hernias in offspring. *J. Swine Health Prod.* 2006. Vol. 14. № 6. P. 317–322. <https://doi.org/10.54846/jshap/486>
2. Lago L. V., Nery da Silva A., Zanella E. L., Groke Marques M., Peixoto J. O., Da Silva M. V. G. B., Ledur M. C., Zanella R. Identification of Genetic Regions Associated with Scrotal Hernias in a Commercial Swine Herd. *Vet Sci.* 2018. Vol. 5. No. 1. Art. 15. <https://doi.org/10.3390/vetsci5010015>
3. Searcy-Bernal R., Gardner I. A. Effects of and factors associated with umbilical hernias in a swine herd. *J. of the American Vet. Med. Association.* 1994. Vol. 204. No. 10. P. 1660–1664. <https://doi.org/10.2460/javma.1994.204.10.1660>
4. Grindflek E., Moe M., Taubert H. et al. Genome-wide linkage analysis of inguinal hernia in pigs using affected sib pairs. *BMC Genet.* 2006. Vol. 7, Article 25. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-7-25>
5. Du Z.-Q., Zhao X., Vukasinovic N., Rodriguez F., Clutter A. C., Rothschild M. F. Association and haplotype analyses of positional candidate genes in five genomic regions linked to scrotal hernia in commercial pig lines. *PLoS ONE.* 2009. Vol. 4. No. 3. Article e4837. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0004837>
6. Sevillano C. A., Lopes M. S., Harlizius B., Hanenberg E. H. A. T., Knol E. F., Bastiaansen J. W. M. Genome-wide association study using deregressed breeding values for cryptorchidism and scrotal/inguinal hernia in two pig lines. *Genetics Selection Evolution.* 2015. Vol. 47. Article 18. <https://doi.org/10.1186/s12711-015-0096-6>
7. Dohoo I., Martin W., Stryhn H. *Veterinary Epidemiologic Research.* 2nd ed. Charlottetown : VER Inc., 2009. 865 p.
8. Petrie A., Sabin C. *Medical Statistics at a Glance.* 3rd ed. Oxford : Wiley-Blackwell, 2009. 180 p.
9. Nowacka-Woszek J. The genetic background of hernia in pigs: A review. *Animal Sci. Papers and Reports.* 2021. Vol. 39. No 1. P. 5–20. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.104317>

REFERENCES

1. Rutten-Ramos, S. C., & Deen, J. (2006). Association between umbilical hernias and genetic line in a swine multiplication herd and methods to differentiate the role of sire in the incidence of umbilical hernias in offspring. *J Swine Health Prod.*, 14(6), 317–322. <https://doi.org/10.54846/jshap/486>
2. Lago, L. V., Nery da Silva, A., Zanella, E. L., Groke Marques, M., Peixoto, J. O., Da Silva, M. V. G. B., Ledur, M. C., & Zanella, R. (2018). Identification of Genetic Regions Associated with Scrotal Hernias in a Commercial Swine Herd. *Vet Sci.*, 5(1), 15. <https://doi.org/10.3390/vetsci5010015>
3. Searcy-Bernal, R., & Gardner, I. A. (1994). Effects of and factors associated with umbilical hernias in a swine herd. *J of the American Vet Med Association*, 204(10), 1660–1664. <https://doi.org/10.2460/javma.1994.204.10.1660>
4. Grindflek, E., Moe, M., Taubert, H., Simianer, H., Lien, S., & Moen, Th. (2006). Genome-wide linkage analysis of inguinal hernia in pigs using affected sib pairs. *BMC Genet*, 7, 25. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-7-25>
5. Du, Z.-Q., Zhao, X., Vukasinovic, N., Rodriguez, F., Clutter, A. C., & Rothschild, M. F. (2009). Association and haplotype analyses of positional candidate genes in five genomic regions linked to scrotal hernia in commercial pig lines. *PLoS ONE*, 4(3), e4837. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0004837>
6. Sevillano, C. A., Lopes, M. S., Harlizius, B., Hanenberg, E. H. A. T., Knol, E. F., & Bastiaansen, J. W. M. (2015). Genome-wide association study using deregressed breeding values for cryptorchidism and scrotal/inguinal hernia in two pig lines. *Genetics Selection Evolution*, 47, 18. <https://doi.org/10.1186/s12711-015-0096-6>
7. Dohoo, I., Martin, W., & Stryhn, H. (2009). *Veterinary Epidemiologic Research.* 2nd ed. Charlottetown : VER Inc.
8. Petrie, A., & Sabin, C. (2009). *Medical Statistics at a Glance.* 3rd ed. Oxford : Wiley-Blackwell

9. Nowacka-Woszek, J. (2021). The genetic background of hernia in pigs: A review. *Animal Sci Papers and Reports*, 39(1), 5–20. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.104317>

ANALYSIS OF HEREDITARY PREDISPOSITION TO HERNIAS IN PIGS BASED ON THE EVALUATION OF OFFSPRING FROM BREEDING BOARS

M. P. Chornozub, O. V. Emelianenko, O. I. Sobolev, O. A. Poroshynska, V. I. Koziiy

Bila Tserkva National Agrarian University

8/1 Soborna Square, Bila Tserkva, Kyiv Region, Ukraine, 09117

<https://ror.org/041bgnt86>

The aim of the study was to analyze the hereditary predisposition to hernias in pigs based on the evaluation of offspring from breeding boars under production conditions. **Methods.** Study was conducted on the pig farms in the Kyiv region. A total of 7,500 young pigs obtained from five boars of different genetic backgrounds were analyzed. Hernias were diagnosed using clinical examination methods. The overall incidence of hernias and the proportion of inguinal-scrotal hernias were assessed. Statistical analysis included the Pearson's chi-square (χ^2) test, as well as the calculation of relative risk (RR) and odds ratio (OR). **Results.** It was established that the overall incidence of hernias was 22.4 %, with substantial variation depending on the breeding boar, ranging from 3.3 % to 41.2 %. The highest incidence was observed in the offspring of the hybrid boar OptiMus, whereas the lowest rates were found in the offspring of purebred Landrace and Yorkshire boars. Inguinal-scrotal hernias accounted for more than 80 % of all cases. A statistically significant dependence of hernia incidence on the origin of the offspring was identified (χ^2 , $p < 0.001$). The relative risk of developing hernias in the offspring of certain boars reached 10.6, while the odds ratio reached 17.2. **Conclusions.** The obtained results indicate a pronounced hereditary component in the development of hernias in pigs and confirm the feasibility of using progeny testing to identify undesirable genetic traits. These findings can be applied to improve breeding programs aimed at reducing the prevalence of this pathology.

Keywords: pigs, hernias, hernia prevalence, heredity, breeding boars, selection, inguinal-scrotal hernias.

For citation (APA Style):

Chornozub, M. P., Emelianenko, O. V., Sobolev, O. I., Poroshynska, O. A. & Koziiy, V. I. (2026). Analysis of hereditary predisposition to hernias in pigs based on the results of progeny evaluation of breeding boars [Analysis of hereditary predisposition to hernias in pigs based on the evaluation of offspring from breeding boars]. *Svynarstvo i Ahropromyslove Vyrobnystvo* [Pig Breeding and Agroindustrial Production]. Poltava, 7(85), 98–106 [in Ukrainian]. [https://doi.org/10.37143/2786-7730-2026-7\(85\)8](https://doi.org/10.37143/2786-7730-2026-7(85)8)

Використання штучного інтелекту (ШІ):

Автори заявляють про використання генеративного штучного інтелекту у процесі підготовки рукопису. Окремі завдання були делеговані інструментам генеративного ШІ за повного людського нагляду, зокрема: структуризація тексту, мовно-стилістичне редагування, переклад матеріалів англійською мовою, а також допоміжне формування окремих розділів рукопису. Усі наукові положення, інтерпретація результатів, статистичний аналіз та остаточне формулювання висновків виконані авторами самостійно. Авторі несуть повну відповідальність за зміст статті. Використаний інструмент генеративного ШІ: ChatGPT 5.3.

Відомості про авторів:

Чорнозуб Микола Петрович, кандидат ветеринарних наук, доцент кафедри ветеринарної хірургії та анестезіології Білоцерківського НАУ

Ємельяненко Олександр Володимирович, кандидат ветеринарних наук, доцент кафедри ветеринарної хірургії та анестезіології Білоцерківського НАУ

Соболев Олександр Іванович, доктор сільськогосподарських наук, професор, професор кафедри технології кормів, кормових добавок і годівлі тварин Білоцерківського НАУ

Порошинська Оксана Андріївна, кандидат ветеринарних наук, доцент кафедри нормальної та патологічної фізіології тварин Білоцерківського НАУ

Козій Василь Іванович, доктор ветеринарних наук, професор, завідувач кафедри нормальної та патологічної фізіології тварин Білоцерківського НАУ