



UDC 636.4.082.12

Genealogical analysis of the Mirgorod pig breed before and after outbreak of African swine fever

V. H. Tsybenko, P. A. Vashchenko

*Institute of Pig Breeding and Agroindustrial Production of the National Academy
of Agrarian Sciences of Ukraine, Poltava, Ukraine*

Article info

Received 30.03.2020

Received in revised form
30.04.2020

Accepted
20.05.2020

*Institute of Pig Breeding and
Agroindustrial Production of
the National Academy
of Agrarian Sciences of
Ukraine, Poltava, Ukraine*

E-mail:

P.A.Vashchenko@gmail.com

Tsybenko, V. H., & Vashchenko, P. A. (2020). Genealogical analysis of the Mirgorod pig breed before and after outbreak of African swine fever. *Veterinary Science, Technologies of Animal Husbandry and Nature Management*, 5, 216-221. DOI: 10.31890/vtpp.2020.05.38

The problem of conservation of animal biodiversity is becoming more and more urgent every year. The number of local breeds animal is constantly decreasing, despite the fact that their representatives are carriers of valuable unique genes that can be useful when changing socio-economic or paratypical conditions. Mirgorod pig breed is one of the breeds, where the number of animals has undergone a significant reduction in recent years.

The aim of the article is the study of the dynamics of the genealogical structure of the Mirgorod pig breed, from 2010 to 2019. The analysis of the ratio of the boars and sows breeding lines was conducted. It was established that before African swine fever epidemic, all sows line in the breed, with rare exceptions, were uniformly represented; it positively distinguishes this one from the other breeds of Ukraine and indicates a high level of selection work with this breed. For example, the fraction of sows of the most numerous sows line of the Mirgorod breed (Soroka) for 2010-2018 years ranged from 0.135 to 0.193; whereas the share of the largest sows line (Volshebnitsa) of Large White breed for the same period was in the range 0.583-0.648. After the African swine fever epidemic, the stock of Mirgorod breed decreased by 10.5 times, the number of genealogical lines in the breed was critically reduced, all the boars that remained after the ASF belong to the Komysh breeding line. In January 2019 the vast majority of sows belonged to the Smorodina sows breeding line (61.9%), to the Laskawa line (14.3%) and one representative of the Dibrova, Rusalka, Soroka, Citrina and Mevi lines were also preserved. In total, there are representatives of seven sows breeding lines.

It was established the impossibility of recovery of Mirgorod breed genealogical structure in the form that was before the outbreak of African swine fever. The opportunity for restoration is preserved for the boars lines of Kamysh, Lovchik and Dnipro, the remaining lines are lost forever. Therefore, to bring the genealogical structure of the renewable breed to accordance with the requirements of regulatory acts, it will be necessary to create 3 new breeding lines of boars.

Key words: pig breeding, conservation of the gene pool, Mirgorod breed, genealogical structure, breeding line.

Генеалогический анализ поголовья миргородской породы до и после вспышки африканской чумы свиней

В. Г. Цибенко, П. А. Ващенко

*Институт свиноводства и агропромышленного производства Национальной академии аграрных наук Украины,
Полтава, Украина*

Проблема сохранения биоразнообразия животных с каждым годом становится все более актуальной. Численность поголовья локальных пород постоянно уменьшается, несмотря на то, что их представители являются носителями ценных уникальных генов, которые могут принести существенную пользу при изменении социально-экономических или паратипических условий. Миргородская порода свиней является одной из пород, поголовье которой подверглось существенному сокращению за последние годы.

Статья посвящена изучению динамики генеалогической структуры миргородской породы свиней, начиная с 2010 до 2019 года. Приведен анализ соотношения линий хряков и семейств свиноматок. Установлено, что до вспышки африканской чумы свиней все семейства в породе, за редким исключением, были представлены

рівномірно; що відзначає в позитивну сторону дану породу від інших, розводимих в Україні і свідчить про високий рівень ведення селекційної роботи з даною породою. Наприклад, частка свиноматок найбільш численної родини миргородської породи Сорочка за 2010-2018 роки коливалася від 0,135 до 0,193; тоді як в великій білій породі, частка найбільш численної родини (Волшебниця) за цей же період знаходилася в межах 0,583-0,648. Після вибуху африканської чуми свиней, загальна кількість миргородської породи скоротилася в 10,5 раз, критично скоротилося кількість генеалогічних ліній і родин в породі, всі хряки, які залишилися після вибуху АЧС належать до ліній Камыша. Переважає більшість свиноматок, які на початок 2019 року належали до родини Смородина (61,9%), але збереглися свиноматки родини Ласкава (14,3%) і до однієї представницької родини Діброва, Русалка, Сорочка, Цитрина і Мєвє. Таким чином, всього в наявності є представники семи родин.

Встановлено, що при відновленні миргородської породи неможливо відновити її генеалогічну структуру в тому вигляді, який був до вибуху африканської чуми свиней. Можливість для відновлення зберігається для ліній хряків Камыша, Лєвчика, і Дніпра, інші лінії втрачені назавжди. Тому, для відновлення генеалогічної структури відновлюваної породи в відповідності до вимог нормативних актів необхідно буде створити 3 нові лінії хряків.

Ключові слова: свиноводство, збереження генофонду, миргородська порода, генеалогічна структура, лінія.

Генеалогічний аналіз поголів'я миргородської породи до і після спалаху африканської чуми свиней

В. Г. Цибенко, П. А. Ващенко

Інститут свиноводства і агропромислового виробництва Національної академії аграрних наук України, Полтава, Україна

Стаття присвячена вивченню динаміки генеалогічної структури миргородської породи свиней починаючи з 2010 до 2019 року. Наведено аналіз співвідношення ліній кнурів та родин свиноматок. Встановлено, що до спалаху африканської чуми свиней всі родини в породі, за окремими виключеннями, були представлені рівномірно, що відзначає в позитивну сторону дану породу від інших, які розводять в Україні. Після спалаху африканської чуми свиней, поголів'я миргородської породи свиней скоротилося у 10,5 раз, критично скоротилася кількість генеалогічних ліній і родин у породі. Можливість для відновлення зберігається для ліній кнурів Камыша, Лєвчика, та Дніпра. Для відновлення генеалогічної структури відновлюваної породи у відповідності до вимог нормативних актів необхідно буде створити 3 нові лінії кнурів.

Ключові слова: свиноводство, збереження генофонду, миргородська порода, генеалогічна структура, лінія.

Вступ

Актуальність теми. Аналіз останніх досліджень і публікацій. Останніми роками все більшою актуальністю набуває проблема збереження біорізноманіття сільськогосподарських тварин і, в тому числі, свиней (Kruglyak, & Martynyuk, 2016; Delgado et al., 2019).

На думку ряду авторів (Polupan, Basovskiy, Rieznykova, & Reznikova, 2017; Ladyka, Sklyarenko, & Pavlenko, 2018; Carwardine et al., 2019), захист біорізноманіття в тваринництві потребує обґрунтованої стратегії з урахуванням динаміки чисельності видів і порід тварин.

Цілеспрямоване управління біорізноманіттям генетичних ресурсів тварин є важливим як для України, так і для більшості країн світу. Дана проблема крім продовольчої безпеки та сталого розвитку сільського господарства пов'язана також із необхідністю збереження культурних традицій та підвищення якості життя людей у цілому (Resnikova, 2017; Oger, Metlytska, & Nor, 2019).

Наразі, прискореними темпами відбувається заміна або поглинання неконкурентоспроможного племінного матеріалу, яким, у першу чергу, виявляються аборигенні та локальні породи. Інтенсивний породотворний процес призводить до їхнього витіснення та різкого скорочення чисельності. Водночас, аборигенні та локальні породи розглядаються як носії унікальних генів і генних комплексів, цінна культурна та інтелектуальна спадщина людства (Baschenko, Gladys, Polupan, Kovtun, & Borodai, 2017; Ge et al., 2019; Nuijten et al., 2016).

Як зазначають науковці (Vyshnevsky, Porhun, Sydorenko, & Dzhus, 2017; Martins et al., 2020; Ladyka, Sklyarenko, & Pavlenko, 2018; Auqui, Egea, Peñaranda, Garrido, & Linares, 2019), збереження генетичних ресурсів в тваринництві є необхідною, що зумовлена продуктивністю і адаптивними можливостями локальних і зникаючих порід. Кожна з цих порід є безцінним джерелом генів, що можуть знадобитись у майбутньому для підтримки життєздатності деяких з широко поширених і високопродуктивних порід. Збереження різноманіття є одним із першочергових завдань Продовольчої і сільськогосподарської організації Об'єднаних Націй (ФАО), для вирішення якого світовою спільнотою прийняті спеціальні декларації та плани дій, державами розроблені національні програми та визначені форми і методи збереження, а також запроваджуються певні системи управління генетичними ресурсами.

Хоча деякі локальні породи відрізняються відносно низьким генетичним різноманіттям (Quan, Gao, Cai, Ge, Jiao, & Zhao, 2020), для миргородської породи свиней характерний досить високий рівень даного показника, про що свідчить аналіз мікросателітних локусів – $N_a = 2,92$; $H_o = 0,382$; $FIS = 0,178$ (Kramarenko, Lugovoy, Kharzina, Lykhach, Kramarenko, & Lykhach, 2018). Зазначається, що аналіз генетичного різноманіття порід, що знаходяться під загрозою зникнення є важливим компонентом успішного збереження (Ciobanu, Day, Nagy, Wales, Rothschild, & Plastow, 2001).

Найбільшою загрозою для збереження миргородської породи на даному етапі є поширення

африканської чуми свиней. У серпні 2018 року через спалах АЧС було ліквідоване єдине у світі племінне стадо миргородської породи свиней яке належало ДП „ДГ ім. Декабристів”. У грудні 2018 року, залишилось 9 голів миргородської породи на дослідній станції Інституту свинарства і агропромислового виробництва НААН та 14 голів у приватних господарствах (Vashchenko et al., 2019).

Мета роботи. Отримати порівняльну характеристику генеалогічної структури миргородської породи свиней до спалаху АЧС та після.

Завдання дослідження. Визначити перспективи відновлення генеалогічної структури миргородської породи свиней.

Матеріал і методи досліджень

Дослідження проводили в умовах господарств ДП „ДГ ім. Декабристів”, ПП „Агрофірма Світанок” та в Інституті свинарства і агропромислового виробництва НААН, на основі аналізу даних отриманих особисто авторами та згідно звітів про результати бонітування свиней за 2010-2017 роки.

Дослідження проводились з використанням методичних підходів, які узгоджуються із Глобальним планом дій щодо генетичних ресурсів тварин, директивами ЄС, чинною законодавчою базою України в галузі тваринництва.

Ефективну чисельність популяції визначали за формулою S. Wright (Hall, 2016):

$$N_e = \frac{4NmNf}{Nm + Nf}$$

де Nm – кількість в популяції статевозрілих самців,

Nf – кількість в популяції плодючих самок.

Результати та їх обговорення

Аналіз генеалогічної структури за матеріалами зведених звітів з бонітування за період з 2010 до 2018 років виявив, що незважаючи на зменшення чисельності основного поголів'я миргородської породи, її генеалогічна структура зберігалась на відносно стабільному рівні в межах вимог Порядку присвоєння відповідного статусу суб'єктам племінної справи у тваринництві (Pro zatverdzhennia Poriadku prysvoiennia vidpovidnoho statusu subiektam plemminoi spravy u tvarynnytstvi ta Tekhnolohichnykh vymoh do provedennia selektsiino-pleminnoi roboty v haluzi bdzhilnytstva, 2019). Згідно з вищезгаданими вимогами мінімальна кількість ліній кнурів та родин свиноматок складає для племзаводів 6 одиниць, а для племрепродукторів – 5. Кількість тварин, що належали до різних ліній та родин у вищевказаний період наведено у таблиці 1. На рис. 1 наведено динаміку співвідношення ліній кнурів, а на рис. 2 – родин свиноматок миргородської породи, протягом зазначеного вище періоду.

Слід відзначити, що як в породі в цілому, так і в господарстві ДП „ДГ ім. Декабристів” всі родини, за окремими виключеннями, були представлені рівномірно. Частка свиноматок найбільш чисельної родини Сороки за 2010-2018 роки коливалась від 13,5 до 19,3 %, що відрізняє дану породу від інших, які розводять в Україні (наприклад у великій білій породі монородина Волшебниця складає 60,2 % чисельності всіх свиноматок) і свідчить про відповідний рівень ведення селекційної роботи з миргородською породою.

Таблиця 1

Динаміка чисельності тварин у лініях кнурів і родин свиноматок миргородської породи (2010-2017 роки)

Рік	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017
Веселий	2	3	5	4	3	3	3	2
Грозний	3	3	1	2	2	1	-	-
Дніпро	7	9	7	4	4	4	2	2
Комиш	1	1	-	-	1	3	2	2
Коханий	7	6	9	6	6	4	1	1
Ловчик	5	3	3	3	3	4	2	2
Маркіз	3	3	3	-	-	-	-	-
Швидкий	2	2	2	1	1	1	1	1
Всього кнурів	30	30	30	20	20	20	11	10
Діброва	12	12	9	13	20	17	13	7
Елла	1	2	3	3	4	3	7	7
Зозуля	5	1	-	-	1	1	-	-
Зоряка	11	9	9	3	5	5	4	6
Конвалія	20	24	22	17	14	14	17	17
Ласкава	25	30	24	21	21	19	19	20
Русалка	17	12	10	11	14	15	14	12
Смородина	27	27	34	30	24	21	17	17
Сойка	23	29	43	29	17	18	18	20
Сорока	27	34	27	25	21	18	25	29
Цитрина	23	13	11	14	12	13	11	10
Щира	2	2	3	1	1	-	-	-
Ягода	7	5	5	4	5	6	5	5
Всього свиноматок	200	200	200	171	159	150	150	150

У порівнянні із 2010-м роком, кількість ліній кнурів на 01.01.2018 р. зменшилась на 25 %, завдяки

вибуттю низькопродуктивних ліній Маркіза та Грозного, водночас наявних на той момент шести ліній кнурів,

було б достатньо для тривалого неспорідненого лінійного розведення. Наприклад, при лінійно-груповому підборі із застосуванням ротації ліній,

використовують плідників п'яти-шести різних ліній, що виключає можливість інбридингу (Cherniak, & Honcharuk, 2014).

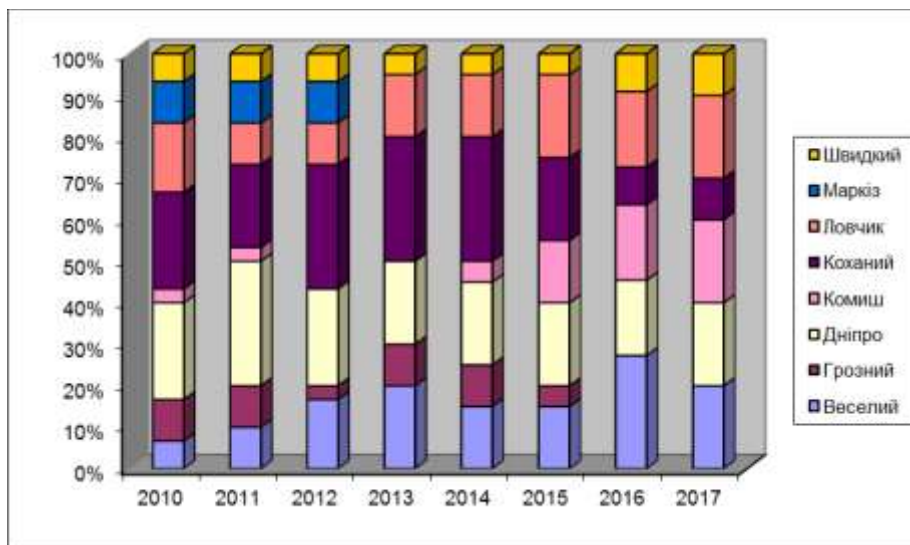


Рис. 1. Динаміка співвідношення ліній кнурів миргородської породи

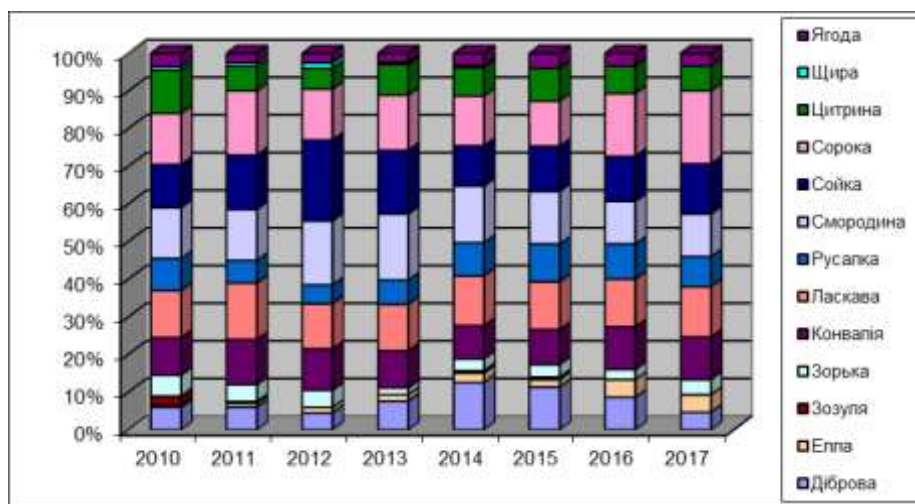


Рис. 2. Динаміка співвідношення родин свиноматок миргородської породи

Також, представлялося можливим вести роботу з даними лініями методом кільцювання, згідно з яким від кнура-родоначальника виокремлюють двох синів, яких спаровують з двома неспорідненими групами свиноматок. А відтак лінію ведуть по двох гілках до 3-4-го покоління, а потім свиноматок однієї гілки спаровують з кнурами другої (замикають кільце) і серед їхнього потомства виокремлюють нового родоначальника. Таким чином, мав би місце комбінований взаємний вплив спарованих тварин двох ізольованих гілок з використанням помірною інбридингу (спільний родоначальник в обох гілках залишається в III—IV рядах предків), при цьому збільшується

вірогідність отримати видатних тварин як нових родоначальників (Berezovskyi, 2005).

Разом із зменшенням кількості ліній, відбулось і зменшення кількості малочисельних родин, за рахунок вибраковування свиноматок родин Зозулі та Щирої. Станом на 2010 рік вони складали відповідно 2,5 та 1,0 % від загального поголів'я свиноматок миргородської породи. Водночас, в миргородській породі були родини, чисельність маток у яких збільшилась за цей період, як у відносному, так і у абсолютному виразі – такими є родини Сороки та Елли.

За вищевказаний період ефективна чисельність популяції миргородської породи знизилась у 2,78 рази, як це можна побачити із таблиці 2.

Таблиця 2

Динаміка ефективної чисельності популяції (Ne) миргородської породи

Група / чисельність	Рік							
	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017
Кнури	30	30	30	20	20	20	11	10
Свиноматки	200	200	200	171	159	150	150	150
Ne	104.35	104.35	104.35	71.62	71.06	70.59	40.99	37.50

Проте, після спалаху африканської чуми свиней, поголів'я миргородської породи свиней скоротилось у 10,5 разів. Якщо станом на 01.01.2018 року у породі налічувалось 10 основних кнурів, 150 основних свиноматок та 81 голова ремонтного молодняку старше 4-х місяців, то станом на 01.01.2019 року в двох господарствах, які завозили племінний молодняк із ДП „ДГ ім. Декабристів” було в наявності лише 2 основних кнури, 13 основних свиноматок та 8 голів ремонтного молодняку. Критично скоротилась кількість генеалогічних ліній і родин у породі, обидва кнури, що залишились після спалаху АЧС належать до лінії Комиша. Ситуація з родинами дещо краща, хоча переважна більшість свиноматок наявних на січень 2019-го року відносилась до родини Смородини (13 голів, 61,9%), але також залишилося 3 свиноматки родини Ласкава (14,3%) та по одній представниці родин Діброва, Ласкава, Русалка, Сорока, Цитрина, тобто, всього в наявності були представники семи родин.

Крім того у банку генетичного матеріалу Інституту розведення і генетики НААН зберігається сперма від 5 кнурів миргородської породи, відібраної у 2016 році. Дані п'ять кнурів належать до трьох ліній: Комиша, Дніпра та Ловчика. І хоча спроби використати дану спермопродукцію для осіменіння свиноматок миргородської породи не були успішними, в перспективі розглядається можливість отримання ембріонів *in vitro* та підсадка їх свиноматкам-реципієнтам, при чому у якості реципієнтів не обов'язково використовувати свиней миргородської породи, що має велике значення, зважаючи на їх малу чисельність.

З початку 2019 року, зусиллями науковців Інституту свинарства і АПВ НААН та спеціалістів господарств ДП „ДГ ім. Декабристів” і ПП „Агрофірма „Світанок” було організовано відтворення свиней миргородської породи, і за 2019-й рік поголів'я збільшено у 1,5 рази, проте питання виживання породи залишається відкритим.

Висновки

1. Протягом 2010-2018 років, не зважаючи на зниження чисельності миргородської породи, її генеалогічна структура залишалась відносно стабільною у рамках чинних вимог до кількості ліній кнурів і родин свиноматок у суб'єктах племінної справи з свинарства. У результаті спалаху африканської чуми свиней поголів'я миргородської породи було зменшено до критичної межі, також до критичної межі скоротилась кількість ліній у породі. Кількість родин свиноматок залишається прийнятною, проте чисельність свиноматок у межах даних родин повинна бути збільшена, оскільки п'ять із семи родин мають у своєму складі лише по одній голові.

2. При відновленні миргородської породи неможливо відновити її генеалогічну структуру в тому вигляді, що був до спалаху африканської чуми свиней. Можливість для відновлення зберігається для ліній кнурів Комиша, Ловчика, та Дніпра, решта ліній втрачена назавжди. Тому для приведення генеалогічної структури відновлюваної породи у відповідність до вимог нормативних актів, необхідно буде створити 3 нових ліній кнурів.

Перспективи подальших досліджень. Провести молекулярно-генетичний аналіз ДНК наявного поголів'я миргородської породи.

Reference

Auqui, S. M., Egea, M., Peñaranda, I., Garrido, M. D., & Linares, M. B. (2019). Rustic Chato Murciano pig breed:

Effect of the weight on carcass and meat quality. *Meat science*, 156, 105-110. DOI:

[10.1016/j.meatsci.2019.05.022](https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2019.05.022)

- Baschenko M. I., Gladiy M. V., Polupan Yu. P., Kovtun S. I., Borodai I. S. (2017). Theoretical, methodological, scientific and institutional basics of formation of bank of farm animal genetics resources of institute of animal breeding and genetics named M.V.Zubets of NAAS. *Animal Breeding and Genetics*, 53, 7-14. DOI: [10.31073/abg.53.01](https://doi.org/10.31073/abg.53.01)
- Berezovskyi, M. D. (2005). Osoblyvosti ta perspektyvy selektsii svynei za liniiami. *Animal Breeding and Genetics*, 38, 244-249. DOI: [10.31073](https://doi.org/10.31073) [In Ukrainian]
- Carwardine, J., Martin, T. G., Firn, J., Reyes, R. P., Nicol, S., Reeson, A., & Chadès, I. (2019). Priority Threat Management for biodiversity conservation: A handbook. *Journal of applied ecology*, 56(2), 481-490. DOI: [10.1111/1365-2664.13268](https://doi.org/10.1111/1365-2664.13268)
- Cherniak, N. H., & Honcharuk, O. P. (2014). Pidbir plidnykiv dlia vidtvorennia stada. *Animal Breeding and Genetics*, 48, 150-156. DOI: [10.31073/abg.48](https://doi.org/10.31073/abg.48) [In Ukrainian]
- Ciobanu, D. C., Day, A. E., Nagy, A., Wales, R., Rothschild, M. F., & Plastow, G. S. (2001). Genetic variation in two conserved local Romanian pig breeds using type 1 DNA markers. *Genet Sel Evol*, 33, 417. DOI: [10.1186/1297-9686-33-4-417](https://doi.org/10.1186/1297-9686-33-4-417)
- Delgado Bermejo, J. V., Martínez Martínez, M. A., Rodríguez Galván, G., Stemmer, A., Navas González, F. J., & Camacho Vallejo, M. E. (2019). Organization and Management of Conservation Programs and Research in Domestic Animal Genetic Resources. *Diversity*, 11(12), 235. DOI: [10.3390/d11120235](https://doi.org/10.3390/d11120235)
- Ge, Q., Gao, C., Cai, Y., Jiao, T., Quan, J., Guo, Y., & Zhao, S. (2019). Evaluating genetic diversity and identifying priority conservation for seven Tibetan pig populations in china based on the mtDNA D-loop. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. DOI: [10.5713/ajas.19.0752](https://doi.org/10.5713/ajas.19.0752)
- Hall, S. J. G. (2016). Effective population sizes in cattle, sheep, horses, pigs and goats estimated from census and herdbook data. *Animal*, 10(11), 1778-1785. DOI: [10.1017/S1751731116000914](https://doi.org/10.1017/S1751731116000914)
- Kramarenko, S. S., Lugovoy, S. I., Kharzinova, V. R., Lykhach, V. Y., Kramarenko, A. S., & Lykhach, A. V. (2018). Genetic diversity of Ukrainian local pig breeds based on microsatellite markers. *Regulatory Mechanisms in Biosystems*, 9(2), 177-182. DOI: [10.15421/021826](https://doi.org/10.15421/021826).
- Kruglyak O. V., & Martynyuk, I. S. (2016). Economic bases of gene pool of local and endangered breeds of farm animals species preservation in Ukraine. *Animal Breeding and Genetics*, 52, 211-220. DOI: [10.31073/abg.52.28](https://doi.org/10.31073/abg.52.28).
- Ladyka, V. I., Sklyarenko, Y. I., & Pavlenko, Y. M. (2018). Prospects of preserving the lebedinian breed. *Animal Breeding and Genetics*, 55, 225-235. DOI: [10.31073/abg.55.31](https://doi.org/10.31073/abg.55.31)
- Martins, J. M., Fialho, R., Albuquerque, A., Neves, J., Freitas, A., Nunes, J. T., & Charneca, R. (2020). Growth, blood, carcass and meat quality traits from local pig breeds and their crosses. *Animal*, 14(3), 636-647. DOI: [10.1017/S1751731119002222](https://doi.org/10.1017/S1751731119002222)
- Nuijten, R. J., Bosse, M., Crooijmans, R. P., Madsen, O., Schaftenaar, W., Ryder, O. A. & Megens, H. J. (2016). The use of genomics in conservation management of the endangered visayan warty Pig (*Sus cebifrons*). *International journal of genomics*, 2016, article ID 5613862, 9 pages. DOI: [10.1155/2016/5613862](https://doi.org/10.1155/2016/5613862)

- Oger, A. S., Metlytska, O. I., & Nor, V. Y. (2019). Genetics characters of pigs different breeds by DNA-polymorphism of swine leukocyte antigen. *Animal Breeding and Genetics*, 57, 165-174. DOI: [10.31073/abg.57.20](https://doi.org/10.31073/abg.57.20)
- Polupan, Y. P., Basovskiy, D. M., Rieznykova, N. L., & Reznikova, Y. M. (2017). Problem of biological diversity conservation of farm animal genetic resources. *Animal Breeding and Genetics*, 54, 200-208. DOI: [10.31073/abg.54.26](https://doi.org/10.31073/abg.54.26)
- Pro zatverdzhennia Poriadku prysvoiennia vidpovidnoho statusu subiektam pleminnoi spravy u tvarynnytstvi ta Tekhnolohichnykh vymoh do provedennia selektsiino-pleminnoi roboty v haluzi bdzhilnytstva: nakaz Ministerstva ahrarynoi polityky ta prodovolstva Ukrainy vid 19.06.2015 r. № 234. Redaktsiia vid 13.09.2019. Retrieved from <https://zakon.rada.gov.ua/laws/show/z0809-15>. [In Ukrainian]
- Quan, J., Gao, C., Cai, Y., Ge, Q., Jiao, T., & Zhao, S. (2020). Population genetics assessment model reveals priority protection of genetic resources in native pig breeds in China. *Global Ecology and Conservation*, 21, e00829. DOI: [10.1016/j.gecco.2019.e00829](https://doi.org/10.1016/j.gecco.2019.e00829)
- Resnikova, N. L. (2017). Why we need indigenous breeds?. *Animal Breeding and Genetics*, 53, 50-60. DOI: [10.31073/abg.53.07](https://doi.org/10.31073/abg.53.07)
- Vashchenko, P. A., Balatsky, V. M., Pocherniaev, K. F., Voloshchuk, V. M., Tsybenko, V. H., Saenko, A. M., Oliynychenko, Ye. K., Buslyk, T. V., & Rudoman, H. S. (2019). Genetic characterization of the mirgorod pig breed, obtained by analysis of single nucleotide polymorphisms of genes. *Agricultural Science and Practice*, 6(2), 47-57. DOI: [10.15407/agrisp6.02.047](https://doi.org/10.15407/agrisp6.02.047)
- Vyshnevsky, L. V., Porhun, M. G., Sydorenko, O. V., & Dzhus, P. P. (2017). Bank of animal genetic resources of institute of animals breeding and genetics ND. A. M.V.Zubets of NAAS system of animal biodiversity conservation of Ukraine. *Animal Breeding and Genetics*, 53, 21-28. DOI: [10.31073/abg.53.03](https://doi.org/10.31073/abg.53.03)