

Н. В. Блохина, Л. А. Храброва

Характеристика чистокровных верховых жеребцов разных линий по микросателлитным локусам

Аннотация. Чистокровная верховая порода лошадей была создана в Англии в XVIII веке при использовании жеребцов восточного происхождения и является одной из самых ценных верховых пород, развиваемых в 70 странах. В России племенная книга этой породы издается с 1836 года. Обмен племенным материалом между странами обеспечивает формирование разветвленной линейной структуры и прогрессивное развитие этой породы уже на протяжении трех столетий. Проведенная нами оценка происхождения жеребцов-производителей, используемых в течение десяти последних лет ($n=643$), показала, что, среди них наиболее широко представлены потомки Northern Dancer (26,0%), Nasrullah (15,5%) и Mr. Prospector (13,2%). В генотипах жеребцов было определено 91 аллель из 100, выявленных в породе. Сравнительный анализ производителей разных линий по генетико-популяционным параметрам показал, что они различаются между собой по числу аллелей (N_a 55–83), среднему уровню полиморфности (A_e 2,151–3,231) и степени наблюдаемой гетерозиготности (H_o 0,549–0,725) изученных локусов. Генетические дистанции между представителями разных линий варьировали в интервале (0,684–0,971) и соответствовали родственным связям между ними. Средний индекс дифференциации жеребцов 15 линий составил 0,056, для линий Mas-sine, Douglas, Tourbillon и Man O'War этот показатель был достоверно выше ($P<0,01$). Линейное структурирование породы является эффективным селекционным методом получения эффекта гетерозиса при кроссах линий и сохранения генетического разнообразия в популяции чистокровных верховых лошадей.

Ключевые слова: генетическое разнообразие, лошадь, линейная структура, микросателлиты ДНК, чистокровная верховая порода.

Авторы:

Блохина Нина Васильевна — кандидат сельскохозяйственных наук, старший научный сотрудник лаборатории генетики; e-mail: nbloh16@yandex.ru;

Храброва Людмила Александровна — доктор сельскохозяйственных наук, профессор; e-mail: l.khrabrova@yandex.ru.

ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт коневодства»; Россия, 391105, Рязанская область, п. Дивово.

Введение. Основным селекционным методом совершенствования пород в коневодстве является разведение по линиям, поэтому оценка генетической дифференциации генеалогической структуры в популяциях животных представляет интерес с теоретической и практической точки зрения [1, 2]. Чистокровная верховая порода лошадей является уникальной моделью для зоотехнических и генетических исследований, так как основу ее аллелофонда составили только несколько сотен жеребцов и кобыл, записанных в I том Генеральной племенной книги в 1791 году, и в дальнейшем скрещивание с лошадьми другого происхождения исключалось. Хорошо налаженный племенной учет в течение трех последующих столетий, наряду с интенсивной селекцией по скаковой работоспособности, способствовали высокому уровню генетической консолидации чистокровной верховой породы, что подтвер-

ждают молекулярно-генетические исследования последних лет [3, 4, 5, 6, 7].

Разведение чистокровных верховых лошадей в России было начато графом А. Г. Орловым в Хреновском конном заводе уже в конце XVIII века, для чего из Англии были завезены успешно скакавшие сыновья знаменитого Эклипса (Eclipse). Вскоре в стране была налажена система скаковых испытаний, а в 1836 году издана Русская племенная книга лошадей этой породы [8].

Основателями чистокровной верховой породы являются три известных жеребца — Byerley Turk, Darley Arabian and Godolphin Arabian. Самым успешным производителем оказался Darley Arabian, линия которого успешно продолжалась через Eclipse (1764) его потомков St. Simon, Irish Birdcatcher и Touchstone [9]. В середине прошлого века эта линия получила мощный импульс развития

благодаря препотентности жеребца Phalaris (1913), потомки которого стали основателями шести успешно развивающихся линий.

Анализ развития генеалогической структуры чистокровной верховой породы в нашей стране показал, что за последние 30 лет в ней произошли существенные изменения. В 80-х годах прошлого века в отечественных конных заводах производили жеребцы 13 линий, среди которых преобладали потомки Teddy, Massine и Douglas. Но уже в 90-х годах эти линии потеряли свое лидирующее значение в связи с интенсивным завозом жеребцов новых прогрессирующих линий, сформировавшихся на базе старой линии Phalaris: Northern Dancer, Nasrullah, Mr. Prospector, Nearco, Native Dancer и A.P. Indy. Такая тенденция наблюдалась и в последующие десятилетия, при этом в ведущих племенных хозяйствах начали широко использовать импортных жеребцов и кобыл.

Применение современных методов генетического контроля селекционных процессов в породах лошадей практикуется в разных странах [10, 11, 12, 13, 14, 15]. Ранее нами было установлено, что отечественная популяция чистокровных верховых лошадей имеет типичную для этой породы генетическую структуру, которая достаточно стабильно сохраняется на протяжении последних десятилетий [4, 10].

Цель исследований — изучение молекулярно-генетических особенностей жеребцов-производителей разных линий, включая оценку степени дифференциации современной линейной структуры чистокровных верховых лошадей.

Методика исследований. В анализ были включены результаты ДНК-генотипирования 643 жеребцов-производителей чистокровной верховой породы, производивших в хозяйствах страны в течение десятилетнего периода с 2008 по 2017 годы. В лаборатории ВНИИ коневодства выделение ДНК проводили преимущественно из волосных луковиц с использованием реагентов «Extra Gene DNA Prep 200» (ООО «Лаборатория Изоген», г. Москва). Выделенную ДНК амплифицировали методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) с использованием коммерческого 17-плексного набора для генотипирования лошадей Stock Marks® на амплификаторе 2720 Thermal Cycler, согласно рекомендациям производителя, по 17-ти микросателлитным локусам: *VHL20*, *HTG4*, *AHT4*, *HMS7*, *HTG6*, *AHT5*, *HMS6*, *ASB23*, *ASB2*, *HTG10*, *HTG7*, *HMS3*, *HMS2*, *ASB17*, *LEX3*, *HMS1*, *CA425*. Локус *LEX3*, локализованный на X-хромосоме, при анализе не учитывали.

Разделение и детекцию продуктов амплификации проводили методом капиллярного электро-

фореза на генетическом анализаторе AB 3130 (Applied Biosystems). Идентификацию результатов осуществляли с использованием профиля контрольной ДНК и результатов международных сравнительных испытаний (Horse Comparison Tests). Линейную принадлежность протестированных лошадей определяли с учетом родословных и сложившейся генеалогической структуры отечественной популяции чистокровных верховых лошадей www.base.ruhorses.ru. В статистическую обработку были включены 15 основных линий, насчитывающие пять и более жеребцов-производителей. Малочисленные линии, представленные несколькими жеребцами (Balbinus, Fairway, Fervor, Himyar, Landgraf и др.), были объединены в группу «прочие».

При генетико-популяционном анализе групп жеребцов использовали базовые показатели: общее число аллелей в локусах (N_a), среднее число аллелей на локус (MNA), среднее число эффективно действующих аллелей (A_e), наблюдаемую (H_o) и ожидаемую (H_e) гетерозиготность. Оценку степени дифференциации линий проводили по трем показателям: коэффициентам генетического сходства и генетическим дистанциям по Nei, а также индексу фиксации F_{st} [11, 16]. Анализируемые показатели, включая коэффициент внутривидового инбридинга F_{is} , оценивали методами F-статистики с применением программного обеспечения MS Excel 2010 и Statistica 12.

Результаты исследований. В современной генеалогической структуре чистокровных верховых лошадей, разводимых в России, явно лидирует линия Northern Dancer ($n=167$), представляющая практически 26% всех используемых в разведении жеребцов. Достаточно широко представлены линии Nasrullah ($n=100$) и Mr. Prospector ($n=100$), 15,5% и 13,2% соответственно. Результаты генотипирования 643 жеребцов чистокровной верховой породы по 16-ти STR-локусам показали, что их генотипы включают только 91 аллель из 100, выявленных у лошадей отечественной популяции. Как правило, генетическая структура линий была представлена типичными для этой породы аллелями, частота встречаемости, которых превышала 0,05 [4]. При этом частоты встречаемости отдельных аллелей имели статистически значимые различия, как между линиями, так и при сравнении со средними данными по выборке.

Сравнительный анализ производителей разных линий по генетико-популяционным параметрам свидетельствует, что они различаются между собой по числу аллелей (N_a), среднему уровню полиморфности (A_e) и степени наблюдаемой гетерозиготности (H_o) изученных локусов (табл. 1).

Число аллелей у жеребцов разных линий варьировало от 55 (Massine) до 83 (Northern Dancer). Уровень полиморфности колебался в пределах 2,151 (Massine) — 3,231 (Northern Dancer), и эти крайние варианты достоверно отличались от среднего значения по выборке ($P < 0,01$). Степень фактической гомозиготности жеребцов-производителей разных линий составляла 0,549–0,725, при этом всегда была выше теоретически рассчитанного показателя H_e , что указывает на некоторый избыток гетерозиготных генотипов и отсутствие внутривидового инбридинга.

Оценка уровня генетического разнообразия у жеребцов разных линий показала, что самая многочисленная в породе линия Northern Dancer характеризовалась максимальным спектром аллелей и достаточно высокими показателями уровня полиморфности ($A_e = 3,231$) и степени гетерозиготности ($H_o = 0,661$). Но высокие показатели генетического разнообразия имели и отдельные малочисленные линии — Blandford, Teddy и FairTrial, что свидетельствует об определенной внутривидовой дифференциации жеребцов этих линий.

Сформированная в прошлом веке отечественная линия Тагора-Гранита — Дугласа (Duglas, 1944) имела средний уровень генетического разнообразия, но при этом существенно отличалась от многих других линий высокой частотой встречаемо-

сти аллелей *VHL20I* (0,536), *HTG4M* (0,536), *HTG6G* (0,536), *HMS6P* (0,786), *ASB23L* (0,333) и *ASB17G* (0,500). Производители немногочисленной линии Tourbillon (1928), ведущей свое начало от основателя породы Herod, в целом характеризовались невысоким уровнем генетического разнообразия и на общем фоне выделялись высокой частотой встречаемости аллелей *VHL20I*, *AHT4H*, *HMS7L*, *HTG10O*, *HMS3N* и *HMS1M* ($P < 0,001$). Еще одна историческая генеалогическая ветвь, идущая от Matchem (1748) к Man O'War (1917), в нашей выборке была представлена 20 производителями, которые по сравнению со средними данными имели сравнительно высокую концентрацию аллелей *VHL20L*, *AHT4K*, *HTG6G*, *AHT5J*, *ASB23K*, *HMS2L* и *ASB17R* ($P < 0,01$).

Оценка дифференциации чистокровных верховых жеребцов разных линий с использованием методов F-статистики показала, что этот показатель варьирует в широком диапазоне ($F_{st} = 0,006$ – $0,155$), при среднем значении 0,056. Самый высокий индекс фиксации F_{st} (0,155; $P < 0,001$) имели производители линии Massine, выделяющиеся среди других по ряду популяционных параметров. Анализ родословных 12 представителей этой линии показал, что все они являются внуками и правнуками знаменитого жеребца Анилин (Элемент — Аналогичная), и в нашей стране линия

Таблица 1. Характеристика жеребцов-производителей чистокровной верховой породы разных линий по показателям STR-локусов

Линии	N	MNA	Ae	Ho	He	Fis	Fst	Na
A.P. Indy	43	4,000	2,715	0,652	0,592	-0,102	0,064	68
Blandford	24	4,353	3,167	0,725	0,639	-0,124	0,006	74
Dark Rolan	29	4,176	2,582	0,606	0,559	-0,077	0,061	71
Duglas	14	3,710	2,624	0,665	0,567	-0,162	0,110	63
FairTrial	23	4,118	2,796	0,668	0,593	-0,128	0,060	70
Man O'War	20	4,118	2,890	0,587	0,579	-0,017	0,099	70
Massine	12	3,235	2,151	0,549	0,490	-0,090	0,155	55
Mr. Prospector	85	4,471	3,094	0,646	0,618	-0,051	0,035	76
Nasrullah	100	4,824	2,992	0,629	0,610	-0,029	0,046	82
Native Dancer	22	4,118	2,758	0,642	0,590	-0,083	0,069	70
Nearco	45	4,471	2,956	0,640	0,610	-0,053	0,044	76
Northern Dancer	167	4,882	3,231	0,661	0,644	-0,024	0,010	83
Ribot	21	3,882	2,706	0,583	0,562	-0,030	0,056	66
Teddy	12	3,941	3,053	0,684	0,624	-0,087	0,007	67
Tourbillon	15	3,710	2,408	0,640	0,542	-0,168	0,083	63
Прочие	11	3,882	2,987	0,600	0,590	-0,026	0,019	66
В среднем	—	4,118	2,819	0,636	0,588	-0,078	0,056	70

Примечание: N — кол-во жеребцов; Na — общее число аллелей, Ae — уровень полиморфности; Ho — наблюдаемая гетерозиготность, He — ожидаемая гетерозиготность; Fis — коэффициент внутривидового инбридинга; MNA — среднее число аллелей на локус.

Massine практически превратилась в линию Анилина, имеющую высокую степень генетической консолидации. Сравнительно высокий уровень фиксации был характерен и для жеребцов линий Douglas ($F_{st}=0,110$), Man O'War ($F_{st}=0,099$) и Tourbillon ($F_{st}=0,083$), что указывает на линейное генотипическое сходство используемых производителей.

Коэффициенты генетического сходства между жеребцами разных линий (табл. 2) варьировали в достаточно широком интервале (0,684–0,971), при этом более высокими показателями выделялись родственные линии, восходящих к жеребцу Phalaris (1913). Максимальный показатель генетического сходства (0,971) был зарегистрирован между жеребцами линий Mr. Prospector и Nasrullah, представляющих две различные ветви этого кластера. Стандартные генетические дистанции между продолжателями разных линий менялись в широком интервале 0,029–0,379. Максимальная генетическая дистанция (0,379) была определена между линиями Massine и Tourbillon, что может обусловить эффект гетерозиса при кроссе этих линий.

Дендрограмма генетических дистанций между жеребцами разных линий, построенная по методу невзвешенных парных средних (рис. 1), в целом соответствует линейной схеме чистокровной верховой породы. Шесть родственных линий — Northern Dancer, Nasrullah, Mr. Prospector, Nearco, Native Dancer и A.P. Indy, происходящих от старой линии Phalaris (1913), образуют мощный цент-

ральный кластер. Среди них генотипически наиболее близки представители линий Northern Dancer, Nasrullah и Mr. Prospector, и несколько дифференцирована ветвь новой линии A.P. Indy (1989), ответвившейся от линии Nasrullah (1940). Жеребцы-производители отечественной линии Дугласа, как и линии Massine, по результатам генотипирования наиболее существенно отличались от продолжателей других линий.

Таким образом, наши данные и публикации других авторов [17, 18] свидетельствуют, что система разведения по линиям является достаточно эффективным методом поддержания внутривидового разнообразия, которое можно контролировать с помощью ДНК-маркеров, в том числе используемых при контроле происхождения лошадей. Генеалогическая схема линий чистокровной верховой породы меняется медленно, поэтому в большинстве случаев современных представителей отделяет от родоначальников 8–10 поколений, вследствие этого степень их генетического родства теоретически стремится к нулю. Тем не менее, даже при интенсивном отборе жеребцов по скаковой работоспособности генотипические различия между представителями разных линий сохраняются, и их оценка важна для селекционных программ. Работа с наиболее дифференцированными линиями, такими как Douglas, Massine, Tourbillon и Ribot, несомненно, является методом сохранения генетического разнообразия в породе.

Таблица 2. Коэффициенты генетического сходства (верхняя диагональ) и стандартных генетических дистанций по Nei (нижняя диагональ) между жеребцами разных линий

Линия	Mr. Prospector	Native Dancer	A.P. Indy	Nasrullah	Douglas	Tourbillon	Ribot	Prince Rose	Northern Dancer	Nearco	Massine	Man O'War	Fair Trial	Dark Rolan	Blandford
Mr. Prospector	x	0,940	0,915	0,971	0,897	0,771	0,870	0,883	0,930	0,916	0,846	0,888	0,839	0,873	0,904
Native Dancer	0,062	x	0,870	0,932	0,858	0,722	0,867	0,871	0,903	0,879	0,844	0,875	0,818	0,864	0,896
A.P. Indy	0,088	0,139	x	0,906	0,861	0,755	0,843	0,859	0,898	0,880	0,809	0,851	0,806	0,820	0,868
Nasrullah	0,029	0,070	0,099	x	0,891	0,774	0,890	0,898	0,932	0,911	0,866	0,900	0,859	0,891	0,911
Douglas	0,108	0,153	0,149	0,115	x	0,798	0,856	0,872	0,882	0,869	0,850	0,873	0,837	0,842	0,885
Tourbillon	0,260	0,326	0,281	0,256	0,226	x	0,710	0,735	0,778	0,761	0,684	0,754	0,742	0,719	0,754
Ribot	0,140	0,142	0,170	0,116	0,156	0,342	x	0,893	0,873	0,864	0,877	0,893	0,833	0,860	0,871
Prince Rose	0,124	0,138	0,153	0,108	0,137	0,308	0,113	x	0,895	0,887	0,871	0,888	0,842	0,856	0,893
Northern Dancer	0,072	0,101	0,107	0,070	0,125	0,251	0,136	0,111	x	0,913	0,863	0,891	0,838	0,885	0,908
Nearco	0,088	0,129	0,127	0,094	0,141	0,274	0,146	0,120	0,091	x	0,851	0,873	0,839	0,885	0,889
Massine	0,167	0,170	0,212	0,144	0,163	0,379	0,132	0,138	0,147	0,162	x	0,865	0,813	0,848	0,863
Man O'War	0,119	0,134	0,162	0,105	0,136	0,282	0,113	0,118	0,115	0,136	0,145	x	0,834	0,853	0,889
Fair Trial	0,175	0,201	0,216	0,152	0,178	0,299	0,183	0,171	0,177	0,176	0,207	0,181	x	0,840	0,864
Dark Rolan	0,136	0,146	0,199	0,115	0,172	0,330	0,151	0,155	0,123	0,122	0,165	0,159	0,175	x	0,890
Blandford	0,101	0,109	0,142	0,093	0,122	0,282	0,138	0,114	0,096	0,118	0,148	0,118	0,146	0,117	x

Выводы. Впервые проведенный анализ генотипических особенностей 643 используемых жеребцов разных линий показал, что они могут передать потомству 55–83% аллелей, типичных для породы. Поэтому линейное структурирование породы является эффективным селекционным методом получения эффекта гетерозиса при кроссах линий и сохранения генетического разнообразия в популяции чистокровных верховых лошадей. Анализ генетических особенностей жеребцов-производителей разных линий показал, что между ними имеются заметные различия по спектру и частотам аллелей, уровню полиморфности ($A_e=2,151-3,231$), а также степени гетерозиготности ($H_o=0,549-$

$0,725$) микросателлитных локусов. Генетические дистанции между представителями разных линий варьировали в интервале (0,684–0,971) и при кластерном анализе соответствовали родственным связям между ними. Средний индекс дифференциации жеребцов 15 линий составил 0,056, для линий Massine, Douglas, Tourbillon и Man O'War этот показатель был достоверно выше ($P<0,01$). Анализ результатов генотипирования жеребцов-производителей позволяет наиболее адекватно оценить степень дифференциации линейной структуры породы, так как их генотипы многократно тиражируются в самых разных сочетаниях и проходят сильный прессинг естественного отбора.

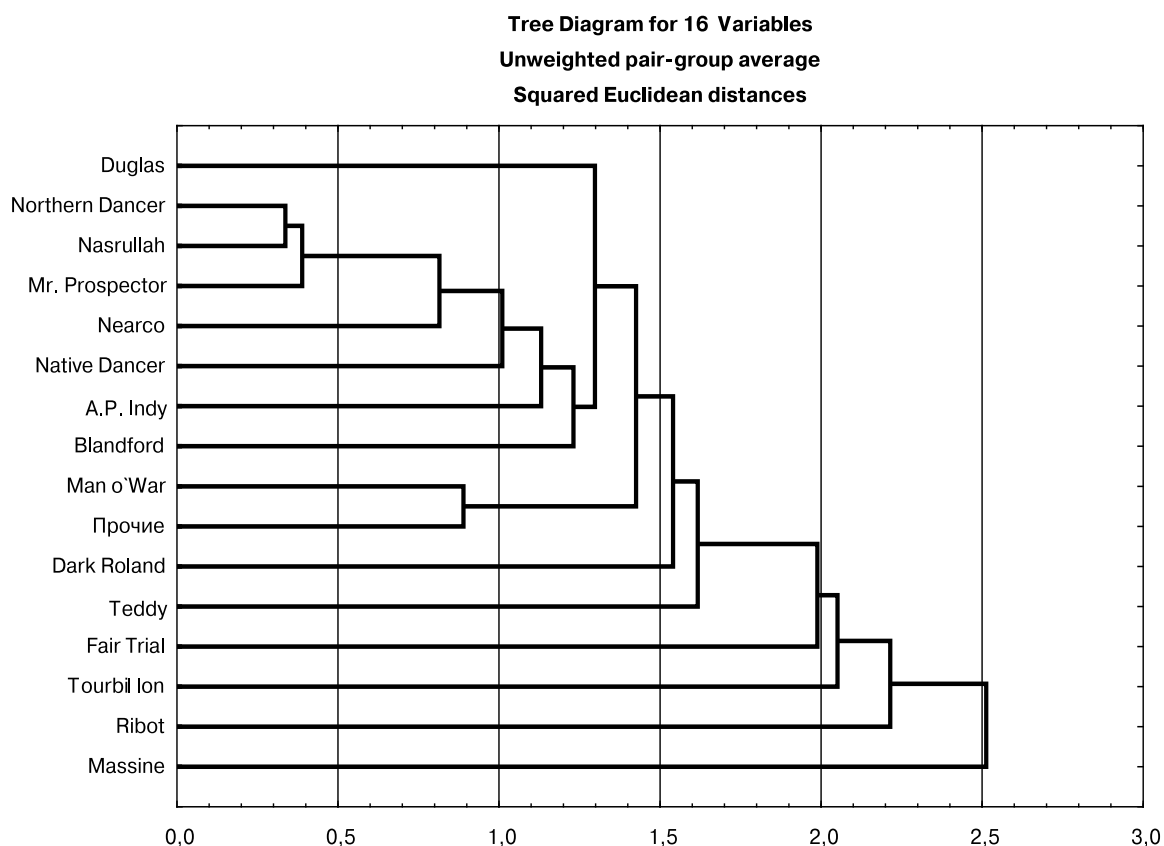


Рис. 1. Дендрограмма генетических дистанций жеребцов-производителей чистокровной верховой породы между линиями по микросателлитам ДНК

Литература

1. Блохина Н. В. Оценка генетического разнообразия микросателлитных локусов у лошадей тяжелоупряжных пород / Н. В. Блохина, Л. А. Храброва, А. М. Зайцев, И. С. Гавриличева // Генетика и разведение животных. — 2018. — №2. — С. 39–44.
2. Витт В. О. Практика и теория чистокровного коннозаводства. М.: 1957.
3. Блохина Н. В. Молекулярно-генетические особенности субпопуляций лошадей чистокровной верховой породы // Н. В. Блохина, Л. А. Храброва / Коневодство и конный спорт. — 2012. — № 4. — С. 13–15.
4. Храброва Л. А. Генетический мониторинг чистокровной верховой породы лошадей по локусам микросателлитов ДНК / Л. А. Храброва, Н. В. Блохина // Генетика и разведение животных. — 2018. — № 3. — С.11–16.
5. Cosenza M. Genetic diversity of the Italian thoroughbred horse population / M. Cosenza, V. La Rosa, R. Rosati, V. Chiofalo // Italian J. Animal Science. — 2019. — №1. — P. 538–545. doi: 10.1080/1828051X.2018.1547128.

6. Khrabrova L. A. Characterization of genetic horse breeding resources in Russia. LAP Lambert Acad. Publ. 2015.
7. Rukavina D. Genetic diversity of Thoroughbred horse population from Bosnia and Herzegovina based on 17 microsatellite markers / D. Rukavina, D. Hasanbasic, J. Ramic, A. Zahirovic, A. Ajanovic, K. Beganovic, A. Durnic-Pasic, B. Kalamujic, N. Pojskic // Japanese J. Veter. Res. — 2016. — № 64(3). — P. 215–220. doi: 10.14943/jjvr.643.215.
8. Коновалова Г. К. Чистокровное коннозаводство в России и за рубежом / Г. К. Коновалова, А. В. Хлебосолова — М.: Аквариум, 2016. — 254 с.
9. Cunningham E. P. Microsatellite diversity, pedigree relatedness and the contributions of founder lineages to thoroughbred horses / E. P. Cunningham, J. J. Doley, R. K. Splan, D. G. Bradley // J. Animal Genetics. — 2001. — № 32(6). — P. 360–364.
10. Храброва Л. А. Мониторинг генетической структуры пород в коневодстве / Л. А. Храброва // Доклады РАСХН. — 2008. — № 3. — С. 42–44.
11. Cothran E. G Genetic distance as a tool in conservation of rare horse breeds. Conservation genetics of endangered horse breeds / E. G Cothran, C. Luis // EAAP publication. — 2005. — № 116. — P. 55–72. doi:10.3920/978-90-8686-546-8.
12. Fornal A. The Malopolsky horse stallions: Genetic Diversity estimated on the basis of microsatellite DNA and class I markers / A. Fornal, A. Radko, J. Nogaj, K. Zielińska-Darecka, A. Piestrzyńska-Kajtoch // Folia Biologica (KraKow) . — 2018. — V. 66. — № 2. doi: 10.3409/fb_66.2.09.
13. Putnova L. Genetic monitoring of horses in the Czech Republic: A large scale study with a focus on the Czech autochthonous breeds / L. Putnova, R. Stohl, I. Vrtkova // J. Anim. Breeding & Genetics. — 2018. — V. 135. — Issue 1. — P. 73–83. doi: 10.1111/jbg.12313.
14. Shelyov A. V. The comparative analysis of the allele pool of Thoroughbred horses in different countries / A. V. Shelyov, O. V. Melnyk, I. O. Suprun, S. V. Spyrydonov, S. D. Melnychuk, V. V. Dzitsiuk, B. M. Gorka // Iranian J. Applied Animal Sci. — 2014. — № 4(3). — P. 637–641.
15. Van de Goor L.H.P. A proposal for standardization in forensic equine DNA typing: allele nomenclature for equine-specific STR loci / L. H. P. Van de Goor, W. A. Panneman, W.A. Haeringen // Animal Genetics. — 2010. — № 41(2). — P. 122–127. doi: 10.1111/j.1365-2052.2009.01975.x.
16. Вейр Б. С. Анализ генетических данных: Дискретные генетические признаки / Б. С. Вейр. — М.: Мир, 1995. — 400 с.
17. Зайцева М. А. Внутрипородная дифференциация по 17 локусам микросателлитной ДНК лошадей разных линий чистокровной арабской породы / А. М. Зайцева, Л. А. Храброва, Л. В. Калинкова // Коневодство и конный спорт. — 2010. — № 1. — С. 19–21.
18. Vlaeva R. DNA microsatellite analysis of the Thoroughbred horse population in Bulgaria / R. Vlaeva, N. Lukanova // Genetic relationships between the studied sirelines. Trakia Journal of Science. — 2015. — № 1. — P. 83–87. doi: 10.15547/tjs.2015.01.011.

Blohina N., Khrabrova L.

Characteristics of Thoroughbred stallions of different lines by microsatellite loci

Abstract. *The Thoroughbred horse was created in England in the XVIII century with the use of stallions of Eastern origin and is one of the most valuable riding breeds bred in 70 countries. In Russia Stud Book of the breed has been published since 1836. The exchange of breeding material between countries provides for the formation of branched linear structure and a progressive development of this breed for the past three centuries. Our assessment of the origin of stallions-producers, used in the last ten years (n=643), showed that among them the most widely represented descendants of Northern Dancer (26.0%), Nasrullah (15.5%) and Mr. Prospector (13.2%). In genotypes of the sires was identified 91 out of 100 alleles identified in the breed. Comparative analysis of producers of different lines by genetic and population parameters showed that they differ in the number of alleles (Na 55–83), the average level of polymorphism (Ae 2,151–3,231) and the degree of observed heterozygosity (Ho 0,549–0,725) of the studied loci. Genetic distances between the representatives of different lines varied in the interval (0.684–0.971) and corresponded to kinship relations between them. The average differentiation index of 15 stallions was 0.056, for Massine, Douglas, Tourbillon and Man O`War lines this index was significantly*

higher ($P < 0.01$). Linear structuring of the breed is an effective breeding method for obtaining the effect of heterosis at the cross of lines and the preservation of genetic diversity in the population of thoroughbred riding horses.

Key words: genetic diversity, horse, linear structure, microsatellite DNA, Thoroughbred.

Autors:

Blokhina N. — PhD (Agr. Sci.), scientific researcher, e-mail: nbloh16@yandex.ru;

Khrabrova L. — Dr. Habil. (Agr. Sci.), Professor, senior researcher, e-mail: l.khrabrova@yandex.ru.

The Laboratory of Genetics, FSBSI «ARRI for Horse breeding», Россия, 391105, Рязанская область, п. Дивово.

References

1. Blokhina N. V. Assessment of the genetic diversity of microsatellite loci in horses of heavy draft breeds / N.V. Blokhina, L. A. Khrabrova, A. M. Zaitsev, I. S. Gavriličeva // Genetics and animal breeding. — 2018. — №. 2. — P. 39–44.
2. Witt V. O. Practice and theory of purebred horse breeding. M.: 1957.
3. Blokhina N. V. Molecular-genetic features of subpopulations of horses of thoroughbred riding breed // N. V. Blokhina, L. A. Khrabrova / Horse breeding and equestrianism. — 2012. — №. 4. — P. 13–15.
4. Khrabrova L. A. Genetic monitoring of a thoroughbred horse breed of horses at the loci of DNA microsatellites / L. A. Khrabrova, N. V., Blokhina // Genetics and animal breeding. — 2018. — №. 3. — P. 11–16.
5. Cosenza M. Genetic diversity of the Italian thoroughbred horse population / M. Cosenza, V. La Rosa, R. Rosati, V. Chiofalo // Italian J. Animal Science. — 2019. — №1. — P. 538–545. doi: 10.1080/1828051X.2018.1547128.
6. Khrabrova L. A. Characterization of genetic horse breeding resources in Russia. LAP Lambert Acad. Publ. 2015.
7. Rukavina D. Genetic diversity of Thoroughbred horse population from Bosnia and Herzegovina based on 17 microsatellite markers / D. Rukavina, D. Hasanbasic, J. Ramic, A. Zahirovic, A. Ajanovic, K. Beganovic, A. Durnic-Pasic, B. Kalamujic, N. Pojskic // Japanese J. Veter. Res. — 2016. — № 64(3). — P. 215–220. doi: 10.14943/jjvr.643.215.
8. Konovalova G. K. Thoroughbred horse breeding in Russia and abroad / G. K. Konovalova, A. V. Khlebosolova — M.: Aquarium, 2016. — 254 p.
9. Cunningham E. P. Microsatellite diversity, pedigree relatedness and the contributions of founder lineages to thoroughbred horses / E. P. Cunningham, J. J. Doley, R. K. Splan, D. G. Bradley // J. Animal Genetics. — 2001. — № 32 (6). — P. 360–364.
10. Khrabrova L. A. Monitoring of the genetic structure of breeds in horse breeding / L. A. Khrabrova // Reports of the RAAS. — 2008. — №. 3. — P. 42–44.
11. Cothran E. G Genetic distance as a tool in conservation of rare horse breeds. Conservation genetics of endangered horse breeds / E. G Cothran, C. Luis // EAAP publication. — 2005. — № 116. — P. 55–72. doi:10.3920/978-90-8686-546-8.
12. Fornal A. The Malopolsky horse stallions: Genetic Diversity estimated on the basis of microsatellite DNA and class I markers / A. Fornal, A. Radko, J. Nogaj, K. Zielińska-Darecka, A. Piestrzyńska-Kajtoch // Folia Biologica (KraKow) . — 2018. — V. 66. — № 2. doi: 10.3409/fb_66.2.09.
13. Putnova L. Genetic monitoring of horses in the Czech Republic: A large scale study with a focus on the Czech autochthonous breeds / L. Putnova, R. Stohl, I. Vrtkova // J. Anim. Breeding & Genetics. — 2018. — V. 135. — Issue 1. — P. 73–83. doi: 10.1111/jbg.12313.
14. Shelyov A. V. The comparative analysis of the allele pool of Thoroughbred horses in different countries / A. V. Shelyov, O. V. Melnyk, I. O. Suprun, S. V. Spyrydonov, S. D. Melnychuk, V. V. Dzitsiuk, B. M. Gorka // Iranian J. Applied Animal Sci. — 2014. — № 4(3). — P. 637–641.
15. Van de Goor L.H.P. A proposal for standardization in forensic equine DNA typing: allele nomenclature for equine-specific STR loci / L. H. P. Van de Goor, W. A. Panneman, W.A. Haeringen // Animal Genetics. — 2010. — № 41 (2). — P. 122–127. doi: 10.1111/j.1365-2052.2009.01975.x.
16. Weir B. S. Analysis of genetic data: Discrete genetic traits / B. S. Weir. — M.: Mir, 1995. — 400 p.
17. Zaitseva M. A. Intra-breed differentiation by 17 loci of microsatellite DNA of horses of different lines of purebred Arabian breed / A. M. Zaitseva, L. A. Khrabrova, L. V. Kalinkova // Horse breeding and equestrian sport. — 2010. — № 1. — P. 19–21.
18. Vlaeva R. DNA microsatellite analysis of the Thoroughbred horse population in Bulgaria / R. Vlaeva, N. Lukanova // Genetic relationships between the studied sirelines. Trakia Journal of Science. — 2015. — №1. — P. 83–87. doi: 10.15547 / tjs.2015.01.01.011.