

Науковий вісник Львівського національного університету
ветеринарної медицини та біотехнологій імені С.З. Гжицького.
Серія: Сільськогосподарські науки

Scientific Messenger of Lviv National University
of Veterinary Medicine and Biotechnologies.
Series: Agricultural sciences

ISSN 2519–2698 print

<https://nvlvet.com.ua/index.php/agriculture>

doi: 10.32718/nvlvet-a9117

UDC 636.082:636.16

Immunogenetic control of the origin of the Hutsul horse breed

S.S. Popadiuk

Stepan Gzhytskyi National University of Veterinary Medicine and Biotechnologies Lviv, Ukraine

Article info

Received 18.09.2019

Received in revised form

17.10.2019

Accepted 18.10.2019

Stepan Gzhytskyi National
University of Veterinary Medicine
and Biotechnologies Lviv,
Pekarskaya Str., 50, Lviv,
79010, Ukraine.
Tel.: +38-050-676-70-63
E-mail: breeding@lvet.edu.ua

Popadiuk, S.S. (2019). Immunogenetic control of the origin of the Hutsul horse breed. Scientific Messenger of Lviv National University of Veterinary Medicine and Biotechnologies. Series: Agricultural sciences, 21(91), 98–102. doi: 10.32718/nvlvet-a9117

The article analyzes the origin of horses of Hutsul breed, which gives an opportunity to make a certain idea about the genotypic features of animals. They were found to have specific features in the distribution of factors and alleles of the D-system of blood groups. An individual analysis of the genotypes of Hutsul horses shows that their diversity is quite significant. Generally, genotypes occur that combine the *dghm* allele with the *cgm* and *bcm* alleles. At the individual level, animal testing materials for blood groups create an information base to study the genetic structure of a population. Analysis of the genetic structure of the herd shows its considerable variability. It was found 9 alleles in the herd with a frequency from 0.014 to 0.264. The most common alleles are *de*; *sgm*, with frequencies of 0.264 and 0.220 respectively. The saturation of the herd with these alleles is primarily related to the genotypes (*de/cgm*) of the stallions used by Vulcan and Centaur. The degree of homogeneity of the flock gene pool is characterized by a homozygosity coefficient (*CA*) of 0.173 and indicates the theoretically expected frequency of homozygous genotypes in panmixia, that is, the absence of directed selection of parental pairs in the same number of females and males. Although the herd does not meet the requirements of panmixia, there is a clear deficiency in homozygotes. In general, immunogenetic studies provide grounds for organizing a breeding process for the reconstruction of the Hutsul breed gene pool with the restoration of its inherent qualities, which will enable it to obtain competitive breeding products. The study of the structure of the population provides material for the analysis of genetic processes occurring at certain stages of the breeding process as a result of the use of different breeding methods. The results of the testing, which is still limited by the number of horses of the Hutsul breed, form the basis for further systematic application of genetic marking in the work on the formation of the Hutsul breed in the Ukrainian Carpathian region.

Key words: immunogenetic control, factors of blood groups, alleles of system D of blood groups, genetic similarity, hereditary information, genotype, coefficient of homozygosity.

Імуногенетичний контроль достовірності походження гуцульської породи коней

С.С. Попадюк

Львівський національний університет ветеринарної медицини та біотехнологій імені С.З. Гжицького,
м. Львів, Україна

У статті проведено аналіз з достовірності походження коней гуцульської породи, що дає можливість скласти певне уявлення про генотипові особливості тварин. Встановлено, що вони мають специфічні ознаки за розподілом факторів та алелів D-системи груп крові. Індивідуальний аналіз генотипів гуцульських коней свідчить про досить значну їх різноманітність. Найчастіше трапляються генотипи, які поєднують алель *dghm* з алелями *cgm* і *bcm*. На індивідуальному рівні матеріали тестування тварин за групами крові створюють інформаційну базу для дослідження генетичної структури популяції. Аналіз генетичної структури стада свідчить про його досить значну мінливість. В стаді знайдено 9 алелів з частотою від 0,014 до 0,264. Найбільш розповсюджені алелі *de*; *sgm*, з частотами відповідно 0,264 і 0,220. Насичення стада цими алелями пов'язано насамперед з генотипами (*de/cgm*) використовуваних жеребців Вулкана і Кентавра. Ступінь однорідності генофонду стада характеризує коефіцієнт гомозиготності (*Ca*), який дорівнює 0,173 і вказує на теоретично очікувану частоту гомозиготних генотипів при

панміксії, тобто відсутності спрямованого підбору батьківських пар за однакової кількості самок і самців. Хоч стадо не відповідає вимогам панміксії, але щодо гомозигот в ньому спостерігається явний дефіцит. Загалом проведені імуногенетичні дослідження дають підстави для організації селекційного процесу із реконструкції генофонду гуцульської породи з відновленням притаманних їй якостей, що дасть змогу одержати конкурентноздатну племінну продукцію. Дослідження структури популяції дає матеріал для аналізу генетичних процесів, що відбуваються на певних етапах селекційного процесу в результаті застосування різних методів розведення. Результати проведеного тестування поки що обмеженого за кількістю поголів'я коней гуцульської породи створює базу для подальшого системного застосування генетичного маркування в роботі з формування масиву гуцульської породи в регіоні Українських Карпат.

Ключові слова: імуногенетичний контроль, фактори груп крові, алелі системи D груп крові, генетична схожість, спадкова інформація, генотип, коефіцієнт гомозиготності.

Вступ

На даний час зростає актуальність раціонального використання генетичних ресурсів, притаманних локальним породам, комплексу генів, які забезпечують їхню адаптаційну пластичність, пристосованість до конкретних умов утримання і експлуатації (Vinnichuk et al., 1991; Lisovyi et al., 2000; Tkachova, 2015). В цьому плані має значення об'єктивна оцінка якостей, які притаманні аборигенним породам і забезпечують їхню конкурентоспроможність. Такою породою є гуцульська для Карпатського регіону України (Stefurak, 1998; Popadiuk, & Dzitsiuk, 2002; Marchuk, & Lavryniuk, 2016; Romanenko, 2018). З цієї точки зору актуальним завданням є всебічне дослідження племінних ресурсів і вирішення питання раціонального використання, а також формування масиву гуцульської породи коней в Україні

Матеріал і методи досліджень

Дослідження проводились на поголів'ї коней гуцульської породи фермерського господарства “Золота підкова” Ужгородського району Закарпатської області (34 голів). Матеріалом для імунологічного аналізу послужили проби периферійної крові коней, яку брали зранку, до годівлі і напування.

Тестування тварин за 12 факторами груп крові (Da, Db, Dc, Dd, De, Df, Dh, Dk, Dm) здійснювали, в лабораторії генетичних основ селекції Інституту розведення і генетики тварин імені М.В. Зубця НААН, постановковою реакції прямої аглютинації за методичними вказівками Дубровської (Dubrovskaja, 1983), з використанням моноспецифічних сироваток-реагентів, виготовлених в лабораторії імуногенетики та ідентифікованих з міжнародними еталонами.

Результати та їх обговорення

Кожна порода характеризується властивими їй біологічними і господарськими особливостями, що формуються в певних умовах середовища і зумовлені спадковістю тварин (Tkachova, 2019). Породи сільськогосподарських тварин складаються з різнорідних особин зі складною спадковою різноманітністю, а також природного і штучного добору, вони відрізняються одна від одної за генетичною структурою. Породи як системи спадкових форм є складовими части-

нами безперервного селекційного процесу (Stoianov et al., 2000; Sokolova et al., 2015).

Завдання щодо ефективного використання племінних ресурсів коней вирішується шляхом поєднання селекційних і генетичних методів досліджень.

В реальному селекційному процесі одним з генетичних методів, який знаходить систематичне застосування, є імуногенетичний контроль достовірності походження племінних тварин. Цей контроль згідно з Законом “Про племінну справу у тваринництві” є одним з елементів ідентифікації тварин. Основне завдання, яке вирішується при здійсненні контролю походження, полягає в підтвердженні достовірності записів про батьків тварини.

При контролі за групами крові порівнюють типи крові батька, матері і їхнього нащадка. У останнього повинні бути тільки ті фактори груп крові, що є хоч би в одного з батьків. Більш детальний і поглиблений імуногенетичний контроль походження проводиться за алелями системи D груп крові. В цьому випадку можливий неповний сімейний аналіз, за яким визначається наявність у потомка одного з двох альтернативних алелів батька.

Результати повного сімейного аналізу в фермерському господарстві “Золотій підкові” з підтвердження походження наведені нижче (табл. 1).

Контроль походження жеребців Бубен 027, Мудрий 019, кобила Міра 023 і Чайка 036 засвідчує достовірність їхнього походження за даними родоводів від жеребця Вулкан і відповідних матерів. Імуногенетичним аналізом встановлено, що Міра 023 і Чайка 036 від свого батька одержали алель sgm , а Мудрий 019 і Бубен 027 одержали альтернативний алель de .

За результатами проведеного при контролі походження імуногенетичного аналізу можна констатувати, що напівсисби Бубен 027 і Мудрий 019 мають генетичну схожість за генетичним матеріалом, що маркується алелем D^{de} , а Міра 023 і Чайка 036 відрізняються від них за цією спадковою інформацією.

Таким чином, за інформацією, яка покладена в основу контролю достовірності походження, є можливість скласти певне уявлення про генотипові особливості тварини.

Таким аналізом можна охопити всіх нащадків плідника, що протестоване за групами крові, тобто до деякої міри провести аналіз його генотипу за відповідними алелями.

Таблиця 1
Експертиза походження коней в фермерському господарстві “Золота підкова”

Родинні відносини	Кличка, номер	Генетичні системи груп крові			Висновок про походження
		А	Б	К	
Батько	Вулкан	ad/	cgm/de	-/-	
Мати	Миша	ad/	bcm/de	-/-	
Син	Бубен 027	ad/	cgm/ad	-/-	Батьки дійсні
Мати	Медея	-/-	cfm/ad	-/-	
Син	Мудрий	ad/-	de/cfm	-/-	Батьки дійсні
Мати	Муха	-/-	de/cghm	-/-	
Дочка	Міра	ad/-	cgm/de	-/-	Батьки дійсні
Мати	Чайка 006		bcm/de	-/-	
Дочка	Чайка 036		cgm/de	-/-	Батьки дійсні

Таблиця 2
Аналіз генотипів жеребця Вулкана за алелями системи D груп крові

Родинні відносини	Кличка, номер	Алелі системи D груп крові	Масть
Батько	Вулкан	cgm/de	сіра в гречку
Дочка	Міра 023	cgm/de	каракова
Дочка	Білоп'ятка 021	cgm/cfm	сіра в гречку
Дочка	Гречка 020	cgm/dgm	гніда
Дочка	Чайка 036	cgm/de	гніда
Син	Бубен 027	de/cgm	мишаста
Син	Мудрий 019	de/cfm	гніда
Дочка	Ельза 017	de/bcm	бура
Дочка	Зірка 028	de/de	мишаста
Дочка	Лаванда 032	de/cgm	руда

Так, у жеребця Вулкан з 9 нащадків 4 успадкували алель cgm, а п'ятьма був успадкований алель батька – de (табл. 2).

Якщо аналіз генотипу Вулкана здійснювати за виявленням зв'язків альтернативних алелів з іншими ознаками, то з тих ознак, що наочно можна зафіксувати у нащадків Вулкана, найбільш доступною є масть. Різноманітність масті у нащадків цього жеребця, як і в усій породі, не дає підстав для того щоб вважати алелі системи D груп крові маркерами цієї ознаки. Проведення аналізу генотипів плідників в гуцульській по-

роді за іншими ознаками потребує накопичення більшого обсягу імуногенетичної та фенотипової інформації.

Інші більш доступні можливості аналізу генотипів пов'язані з наявністю імуногенетичної інформації в декількох поколіннях. Такий аналіз руху генетичної інформації жеребця Кентавра ілюструє схема (рис. 1).

В цій схемі штрихуванням позначені різні алелі, які у відповідних напівквадратах (для жеребців) або напівколах (для кобил) розміщуються ліворуч ті, що отримані від матері, праворуч – отримані від батька.

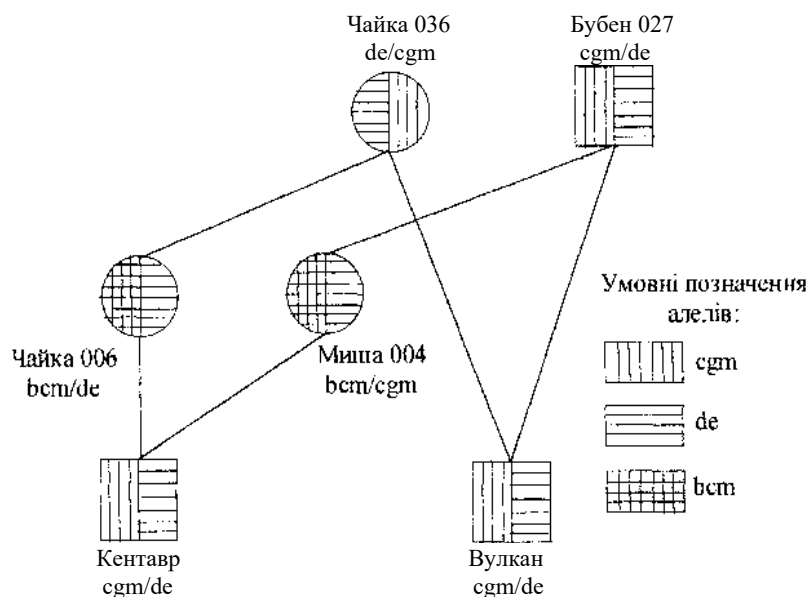


Рис. 1. Схема успадкування алелів, які маркують спадкову інформацію жеребців Кентавра і Вулкана

Простежуючи за передачею алелів Кентавра, можна відзначити розщеплення його генотипу в першому поколінні, де напівсестри за батьком кобили Чайка 006 і Миша 004 успадкували різні алелі батька (de і cgm).

Відповідно нащадків цих кобил успадкували алелі, які маркують генетичний матеріал їхнього діда (cgm і de). Отже, з одного боку, ці нащадки (кобила Чайка 006 і Бубен 027) мають генетичну спільність з своїм дідом за спадковою інформацією, яка маркується алелем системи D груп крові. З іншого боку, можна стверджувати, що у цих тварин генотипи за системою D груп крові ідентичні, але вони маркують різний генетичний матеріал, тому що алель de Чайка 036 одержала від матері Чайки 006, а Бубен 027 – від Миші 004.

Крім імуногенетичного аналізу на індивідуальному рівні, матеріали тестування тварин за групами крові створюють інформаційну базу для дослідження генетичної структури популяцій. Аналіз генетичної структури стада фермерського господарства “Золота підкова” за алелями D системи груп крові свідчить про його досить значну мінливість (табл. 3).

Таблиця 3

Генетична структура коней фермерського господарства “Золота підкова” за алелями D-системи груп крові, n = 34

Алелі	Кількість носіїв	Генна частота
ad	5	0,088
bcm	7	0,120
cegm	4	0,055
cfm	4	0,055
cghm	2	0,028
cgm	15	0,220
de	18	0,264
dghm	11	0,161
dk	1	0,014
Коефіцієнт гомозиготності		0,173

В стаді знайдено 9 алелів з частотою від 0,014 до 0,264. Найбільш розповсюджені алелі de; cgm, з частотами відповідно 0,264 і 0,220. Насичення стада цими алелями пов'язано, насамперед з генотипами (de/cgm) використовуваних жеребців Вулкана і Кентавра. Ступінь однорідності генофонду стада характеризує коефіцієнт гомозиготності (Ca), який обчислений як сума квадратів генних частот всіх виявлених алелів. Цей коефіцієнт у стаді дорівнює 0,173 і вказує на теоретично очікувану частоту гомозиготних генотипів при панміксії, тобто відсутності спрямованого підбору батьківських пар за однакової кількості самок і самців. Хоч стадо не відповідає вимогам панміксії, але щодо гомозигот в ньому спостерігається явний дефіцит (табл. 4).

В стаді виявлено всього дві гомозиготні кобили Медея 008 (генотип ad/ad) і Зірка 028 (генотип de/de).

Таблиця 4

Генотипи тварин за алелями D-системи груп крові коней фермерського господарства “Золота підкова”, n = 34

Генотипи	Кількість тварин	Частота, %
ad/ad	1	2,94
ad/cfm	2	5,88
ad/cgm	1	2,94
ad/de	1	2,94
bcm/cgm	2	5,88
bcm/de	5	14,70
cegm/cgm	3	8,82
cegm/dghm	1	2,94
cfm/cgm	1	2,94
cfm/de	1	2,94
cghm/dghm	2	5,88
cgm/de	4	11,76
cgm/dghm	4	11,76
de/de	1	2,94
de/dghm	4	11,76
de/dk	1	2,94

Дефіцит гомозигот частково пов'язаний з особливостями підбору, з використанням неспоріднених з тваринами стада жеребців. З іншого боку, очевидно, в гуцульській породі діють генетичні процеси, що протидіють звуженню генетичної мінливості, механізми яких можуть бути аналогічні встановленим в стаді сірої української верхової породи. Звичайно, кількості випадків повного сімейного аналізу по стаду замало для одержання вірогідних висновків, та все ж з трьох випадків теоретично очікуваного одержання гомозигот (див. табл. 3) фактично не було одержано жодного гомозиготного генотипу (очікувалось з вірогідністю 0,5 одержання гомозигот при підборі до Вулкана: cgm/cgm – Бубен 027, фактично cgm/de; de/de – Міра 023, фактично cgm/de; de/de – Чайка 036, фактично cgm/de).

Найбільше в стаді тварин генотипів bcm/de (14,70%), cgm/de (11,76%) і cgm/dghm (11,76%), de/dghm (11,76%). Закономірно, що в сімох з шістнадцяти знайдених в стаді генотипів D алель de, а носіями його є половина тварин стада.

Імуногенетичний аналіз показав, що коні гуцульської породи мають специфічні особливості за розподілом факторів та алелей D-системи груп крові.

Висновки

За результатами проведених досліджень обґрунтовані методичні підходи і організаційно-методичні засади селекційно-генетичного моніторингу з розведення гуцульської породи, які покликані забезпечити не тільки збереження, а й реконструкцію і розширене відтворення генофонду породи, що дасть змогу одержати конкурентноздатну племінну продукцію.

Перспективи подальших досліджень. Таким чином, аналізом при контролі походження не обмежується застосування імуногенетичних методів в племінній роботі. Дослідження структури популяції дає матеріал для аналізу генетичних процесів, що відбуваються на певних етапах селекційного процесу в

результаті застосування різних методів розведення. Результати проведеного тестування поки що обмеженого за кількістю поголів'я коней гуцульської породи створює базу для подальшого системного застосування генетичного маркірування в роботі з формування масиву гуцульської породи в регіоні Українських Карпат.

References

- Dubrovskaja, R.M. (1983). Metodicheskie ukazaniya po izgotovleniju syvorotok-reagentov dlja opredelenija grupp krovi i ispol'zovaniju ih pri kontrole proishozhdenija loshadej. M.: Kolos (in Russian).
- Lisovyi, F., Slesarev, O., & Verchuk, P. (2000). Shliakhy zberezhenia vysokotsinnoho vitchyznianoho henofondu pleminnoho tvarynnytstva. Tvarynnytstvo Ukrainy, 5–6, 2–4 (in Ukrainian).
- Marchuk, O.O., & Lavryniuk, O.O. (2016). Osoblyvosti hodivli konei hutsulskoi porody. Visnyk ZhNAEU, 2(56), 286–292. <http://ir.znau.edu.ua/handle/123456789/7627> (in Ukrainian).
- Popadiuk, S.S., & Dzitsiuk, V.V. (2002). Hutsulska poroda konei v Ukraini. Naukovyi visnyk. Lviv, 4(1), 139–142 (in Ukrainian).
- Romanenko, G.V. (2018). Istorychni aspekty rozvedennia ta zberezhenia porody hutsulskykh konei na ukrainskykh zemliakh u skladi Polshchi v mizhvoiennyi period [Historical aspects of breeding and preservation of Hutsul horse breed on the Ukrainian territory of the interwar Poland]. Scientific and theoretical almanac “Grani”, 21(9), 81–89. doi: 10.15421/1718118.
- Sokolova, G.A., Kovalchuk, N.A., & Popadyuk, S.S. (2015). Exterior and workability ukrainian horse breed under different lines pjsc “Rise-Maksymko”. Scientific Messenger of LNU of Veterinary Medicine and Biotechnologies. Series: Agricultural Sciences, 17(1), 210–214. <https://nvlvet.com.ua/index.php/agriculture/article/view/3578> (in Ukrainian).
- Stefurak, Yu.P. (1998). Hutsulska poroda konei. Stan i perspektyvy rozvytku. Rakhiv. Ukraina, 1, 252–256 (in Ukrainian).
- Stoianov, R.O., Osadcha, L.V., Holovach, M.I., & Popadiuk, S.S. (2000). Imunohenetychna kharakterystyka konei hutsulskoi porody. Rozvedennia i henetyka tvaryn, 33, 143–148 (in Ukrainian).
- Tkachova, I.V. (2015). Metody selekcii porod loshadej s ogranichenym genofondom. Sovremennye tehnologi sel'-s'khozajstvennogo proizvodstva: sb. nauch. st. po mat. HVII Mezhdunar. nauch.-prak. konfer. Grondo: GGAU, 122–125 (in Russian).
- Tkachova, I.V. (2019). Systema selektsiinoho udoskonalennia zavodskykh porid konei v umovakh obmezhenoho henofondu. Avtoref. dys. na zdob. stupenia doktora s.-h. nauk. s. Chubynske (in Ukrainian).
- Vinnichuk, D.T., Podoba, B.E., & Efimenko, M.Ja. (1991). Isledovanie geneticheskikh markerov dlja ocenki i poluchenija zhyvotnykh zhelatel'nogo tipa. Citologija i genetika, 6, 51–55 (in Russian).